

>gi|9627100|ref|NC_001526.1|_HumanPapillomavirus_-16,_complete_genome

ACTACAATAATTCATGTATAAACTAAGGGCGTAACCGAAATCGGTTGAACCGAAACCGG
TTAGTATAAAAGCAGACATTTTATGCACCAAAAGAGAACTGCAATGTTTCAGGACCCACA
GGAGCGACCCAGAAAGTTACCACAGTTATGCACAGAGCTGCAAACAACCTATACATGATAT
AATATTAGAATGTGTGTACTGCAAGCAACAGTTACTGCGACGTGAGGTATATGACTTTGC
TTTTTCGGGATTTATGCATAGTATATAGAGATGGGAATCCATATGCTGTATGTGATAAATG
TTTAAAGTTTATTCATAAAATTAGTGAGTATAGACATTATTGTTATAGTTTGTATGGAAC
AACATTAGAACAGCAATACAACAAACCGTTGTGTGATTTGTTAATTAGGTGTATTAACCTG
TCAAAAGCCACTGTGTCTCTGAAGAAAAGCAAAGACATCTGGACAAAAAGCAAAGATTCCA
TAATATAAGGGGTGCGTGACCGGTGCGATGTATGTCTTGTTCAGATCATCAAGAACACG
TAGAGAAAACCCAGCTGTAATCATGCATGGAGATACACCTACATTGCATGAATATATGTTA
GATTTGCAACCAGAGACAACCTGATCTCTACTGTTATGAGCAATTAAATGACAGCTCAGAG
GAGGAGGATGAAATAGATGGTCCAGCTGGACAAGCAGAACCGGACAGAGCCCATTAACAT
ATTGTAACCTTTTGTGCAAGTGTGACTCTACGCTTCGGTTGTGCGTACAAAGCACACAC
GTAGACATTCGTACTTTGGAAGACCTGTTAATGGGCACACTAGGAATTGTGTGCCCCATC
TGTTCTCAGAAACCATAATCTACCATGGCTGATCCTGCAGGTACCAATGGGGAAGAGGGT
ACGGGATGTAATGGATGGTTTTATGTAGAGGCTGTAGTGGAAAAAAAACAGGGGATGCT
ATATCAGATGACGAGAACGAAAATGACAGTGATACAGGTGAAGATTTGGTAGATTTTATA
GTAAATGATAATGATTATTTAACACAGGCAGAAACAGAGACAGCACATGCGTTGTTTACT
GCACAGGAAGCAAAACAACATAGAGATGCAGTACAGGTTCTAAAACGAAAGTATTTGGTA
GTCCACTTAGTGATATTAGTGGATGTGTGATGACAATAATATTAGTCTAGATTAAAAGCTA
TATGTATAGAAAAACAAAGTAGAGCTGCAAAAAGGAGATTATTTGAAAGCGAAGACAGCG
GGTATGGCAATACTGAAGTGGAAACTCAGCAGATGTTACAGGTAGAAGGGCGCCATGAGA
CTGAAACACCATGTAGTCAGTATAGTGGTGGAAGTGGGGGTGGTTGCAGTCAGTACAGTA
GTGGAAGTGGGGGAGAGGGTGTAGTGAAAAGACACACTATATGCCAAACACCCTTACAA
ATATTTTAAATGTACTAAAACTAGTAATGCAAAGGCAGCAATGTTAGCAAAATTTAAAG
AGTTATACGGGGTGAGTTTTTTTCAGAAATAGTAAGACCATTTAAAAGTAATAAATCAACGT
GTTGCGATTGGTGTATTGCTGCATTTGGACTTACACCCAGTATAGCTGACAGTATAAAAA
CACTATTACAACAATATTGTTTATATTTACACATTCAAAGTTTAGCATGTTTCATGGGGAA
TGGTTGTGTTACTATTAGTAAGATATAAATGTGGAAAAAATAGAGAAACAATTGAAAAAT
TGCTGTCTAACTATTATGTGTGTCTCCAATGTGTATGATGATAGAGCCTCCAAAATTGC
GTAGTACAGCAGCAGCATTATATTGGTATAAAACAGGTATATCAAATATTAGTGAAGTGT
ATGGAGACACGCCAGAATGGATACAAAGACAAACAGTATTACAACATAGTTTAAATGATT
GTACATTTGAATTATCACAGATGGTACAATGGGCCTACGATAATGACATAGTAGACGATA
GTGAAATTGCATATAAATATGCACAATTGGCAGACACTAATAGTAATGCAAGTGCCTTTC
TAAAAAGTAATTCACAGGCAAAAATTGTAAAGGATTGTGCAACAATGTGTAGACATTATA
AACGAGCAGAAAAAAAACAATGAGTATGAGTCAATGGATAAAAATATAGATGTGATAGGG
TAGATGATGGAGGTGATTGGAAGCAAATTGTTATGTTTTTAAGGTATCAAGGTGTAGAGT
TTATGTCAATTTTTTAACCTGCATTAAAAAAGATTTTTCGAAGGCATACCTAAAAAAAATTGCA
TATTACTATATGGTGCAGCTAACACAGGTAAATCATTATTTGGTATGAGTTTAATGAAAT
TTCTGCAAGGGTCTGTAATATGTTTTGTAAATTCTAAAAGCCATTTTTGGTTACAACCAT
TAGCAGATGCCAAAATAGGTATGTTAGATGATGCTACAGTGCCCTGTTGGAACCTACATAG
ATGACAATTTAAGAAATGCATTGGATGGAAATTTAGTTTCTATGGATGTAAAGCATAGAC
CATTGGTACAACCTAAAATGCCCTCCATTATTAATTACATCTAACATTAATGCTGGTACAG
ATTCTAGGTGGCCTTATTTACATAATAGATTGGTGGTGTTCATTTCTAATGAGTTTC
CATTTGACGAAAACGGAAATCCAGTGTATGAGCTTAATGATAAGAACTGGAAATCCTTTT
TCTCAAGGACGTGGTCCAGATTAAAGTTTGCACGAGGACGAGGACAAGGAAAACGATGGAG
ACTCTTTGCCAACGTTTAAATGTGTGTGTCAGGACAAAATACTAACACATTATGAAAATGAT
AGTACAGACCTACGTGAAATATAGACTATTGGAAACACATGCGCCTAGAATGTGCTATT
TATTACAAGGCCAGAGAAATGGGATTTAAACATATTAACCACCAAGTGGTGCCAACACTG
GCTGTATCAAGAATAAAGCATTACAAGCAATTGAACTGCAACTAACGTTAGAAACAATA
TATAACTCACAATATAGTAATGAAAAGTGGACATTACAAGACGTTAGCCTTGAAGTGTAT
TTAACTGCACCAACAGGATGTATAAAAAACATGGATATACAGTGGAAAGTGCAGTTTGAT
GGAGACATATGCAATACAATGCATTATACAACTGGACACATATATATATTTGTGAAGAA
GCATCAGTAACTGTGGTAGAGGGTCAAGTTGACTATTATGGTTTATATTATGTTTCATGAA

GGAATACGAACATATTTTGTGCAGTTTAAAGATGATGCAGAAAAATATAGTAAAAATAAA
GTATGGGAAGTTCATGCGGGTGGTCAGGTAATATTATGTCCTACATCTGTGTTTAGCAGC
AACGAAGTATCCTCTCCTGAAATTATTAGGCAGCACTTGGCCAACCAACCCCGCCGCGACC
CATACCAAAGCCGTCGCTTGGGCACCGAAGAAACACAGACGACTATCCAGCGACCAAGA
TCAGAGCCAGACACCGGAAACCCCTGCCACACCCTAAGTTGTTGCACAGAGACTCAGTG
GACAGTGCTCCAATCCTCACTGCATTTAACAGCTCACACAAAGGACGGATTAACGTGAAT
AGTAACACTACACCCATAGTACATTTAAAAGGTGATGCTAATACTTTAAAATGTTTAAGA
TATAGATTTAAAAGCATTGTACATTGTATACTGCAGTGTCTGCTACATGGCATTGGACA
GGACATAATGTAAAACATAAAAGTGCAATTGTTACACTTACATATGATAGTGAATGGCAA
CGTGACCAATTTTGTCTCAAGTTAAAATACCAAAACTATTACAGTGTCTACTGGATTT
ATGTCTATATGACAAATCTTGATACTGCATCCACAACATTACTGGCGTGCTTTTGTCTTT
GCTTTGTGTGCTTTTGTGTGTCTGCCTATTAATACGTCCGCTGCTTTTGTCTGTGTCTAC
ATACACATCATTAATAATATTGGTATTACTATTGTGGATAACAGCAGCCTCTGCGTTTAG
GTGTTTTATTGTATATATTATTTGTTTATATACCATTATTTTAAATACATACACATGC
ACGCTTTTAAATTACATAATGTATATGTACATAATGTAATTGTTACATATAATTGTTGTA
TACCATAACTTACTATTTTTCTTTTTTATTTTCATATATAATTTTTTTTTTGTGTTGTT
TGTTTGTTTTTAAATAAACTGTTATTACTTAACAATGCGACACAAACGTTCTGCAAAACG
CACAAACGTCATCGGCTACCCAACCTTTATAAAACATGCAAAACAGGCAGGTACATGTCC
ACCTGACATTATACCTAAGGTTGAAGGCAAAACTATTGCTGAACAAATATTACAATATGG
AAGTATGGGTGATTTTTTGGTGGGTTAGGAAATTGGAACAGGGTTCGGGTACAGGCGGACG
CACTGGGTATATTCCATTGGGAACAAGGCTCCACAGCTACAGATACACTTGCTCCTGT
AAGACCCCTTTAACAGTAGATCCTGTGGGCCCTTCTGATCCTTCTATAGTTTCTTTAGT
GGAAGAAACTAGTTTTATTGATGCTGGTGCACCAACATCTGTACCTTCCATTCCCCAGA
TGTATCAGGATTTAGTATTACTACTTCAACTGATACCACACCTGCTATATTAGATATTAA
TAATACTGTTACTACTGTTACTACACATAATAATCCCACTTTCACTGACCCATCTGTATT
GCAGCCTCCAACACCTGCAGAACTGGAGGGCATTTTACACTTTCATCATCCACTATTAG
TACACATAATTATGAAGAAATTCCTATGGATACATTTATTGTTAGCACAAACCTAACAC
AGTAACTAGTAGCACACCCATACCAGGGTCTCGCCAGTGGCACGCTAGGATTATATAG
TCGCACAACACAACAGGTTAAAGTTGTAGACCCTGCTTTTGTAACTCCCACTAACT
TATTACATATGATAATCCTGCATATGAAGGTATAGATGTGGATAATACATTATATTTTC
TAGTAATGATAATAGTATTAATATAGCTCCAGATCCTGACTTTTTGGATATAGTTGCTTT
ACATAGGCCAGCATTAACCTCTAGGCGTACTGGCATTAGGTACAGTAGAATTGGTAATAA
ACAAACACTACGTACTCGTAGTGGAAAATCTATAGGTGCTAAGGTACATTATTATTATGA
TTTAAGTACTATTGATCCTGCAGAAGAAATAGAATTACAACTATAACACCTTCTACATA
TACTACCACTTCACATGCAGCCTCACCTACTTCTATTAATAATGGATTATATGATATTTA
TGCAGATGACTTTATTACAGATACTTCTACAACCCCGGTACCATCTGTACCCTCTACATC
TTTATCAGGTTATATTCCTGCAATACAACAATTCCTTTTGGTGGTGCATACAATATTCC
TTTAGTATCAGGTCCTGATATACCCATTAATATAACTGACCAAGCTCCTTCATTAATTCC
TATAGTTCCAGGGTCTCCACAATATACAATTATTGCTGATGCAGGTGACTTTTATTTACA
TCCTAGTTATTACATGTTACGAAAACGACGTAAACGTTTACCATATTTTTTTTCAGATGT
CTCTTTGGCTGCCCTAGTGAGGCCACTGTCTACTTGCCTCCTGTCCAGTATCTAAGGTTG
TAAGCACGGATGAATATGTTGCACGCACAAACATATATTATCATGCAGGAACATCCAGAC
TACTTGCAGTTGGACATCCCTATTTTCCATTAATAAAACCTAACAATAACAAAATATTAG
TTCCTAAAGTATCAGGATTACAATACAGGGTATTTAGAAATACATTTACCTGACCCCAATA
AGTTTGGTTTTCCTGACACCTCATTTTATAATCCAGATACACAGCGGCTGGTTTGGGCCT
GTGTAGGTGTTGAGGTAGGTCGTGGTCAGCCATTAGGTGTGGGCATTAGTGCCATCCTT
TATTAAATAAATTGGATGACACAGAAAATGCTAGTGCTTATGCAGCAAAATGCAGGTGTGG
ATAATAGAGAATGTATATCTATGGATTACAAACAAACACAATTGTGTTTAAATTGGTTGCA
AACCACCTATAGGGGAACACTGGGGCAAAAGGATCCCCATGTACCAATGTTGCAGTAAATC
CAGGTGATTGTCCACCATTAGAGTTAATAAACACAGTTATTACAGGATGGTGATATGGTTC
ATACTGGCTTTGGTGCTATGGACTTTACTACATTACAGGCTAACAAAAGTGAAGTTCCAC
TGGATATTTGTACATCTATTTGCAATATCCAGATTATATTAATAATGGTGTCAGAACCAT
ATGGCGACAGCTTATTTTTTTTATTTACGAAGGGAACAAATGTTTGTAGACATTTATTTA
ATAGGGCTGGTACTGTTGGTGAAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGT
CTACTGCAAAATTTAGCCAGTTCAAATTATTTTCTACACCTAGTGGTTCTATGGTTACCT

CTGATGCCCAAATATTCAATAAACCTTATTGGTTACAACGAGCACAGGGCCACAATAATG
GCATTTGTTGGGGTAACCAACTATTTGTTACTGTTGTTGATACTACACGCAGTACAAATA
TGTCATTATGTGCTGCCATATCTACTTCAGAACTACATATAAAAAATACTAATTTAAGG
AGTACCTACGACATGGGGAGGAATATGATTTACAGTTTATTTTTCAACTGTGCAAAATAA
CCTTAAGTGCAGACGTTATGACATACATACATTCTATGAATTCCACTATTTTGGAGGACT
GGAATTTTGGTCTACAACCTCCCCAGGAGGCACACTAGAAGATACTTATAGGTTTGTAA
CCCAGGCAATTGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCTTA
AAAAATACACTTTTTTGGGAAGTAAATTTAAAGGAAAAGTTTTCTGCAGACCTAGATCAGT
TTCCTTTAGGACGCAAATTTTTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAAATTTACAT
TAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAACCTGCTAAACGCAAAA
AACGTAAGCTGTAAGTATTGTATGTATGTTGAATTAGTGTGTTTGTGTGTATATGTTT
GTATGTGCTTGTATGTGCTTGTAAATATTAAGTTGTATGTGTGTTTGTATGTATGGTATA
ATAAACACGTGTGTATGTGTTTTTAAATGCTTGTGTAACCTATTGTGTGTCATGCAACATAAA
TAACTTATTGTTTCAACACCTACTAATTGTGTTGTGGTTATTCATTGTATATAAACTAT
ATTTGCTACATCCGTGTTTTTGTGTTTTATATATACTATATTTTGTAGCGCCAGGCCATTTT
GTAGCTTCAACCGAATTCGGTTGCATGCTTTTTGGCACAAAATGTGTTTTTTTAAATAGT
TCTATGTCAGCAACTATGGTTTTAACTTGTACGTTTCCCTGCTTGCCATGCGTGCCAAATC
CCTGTTTTTCCCTGACCTGCACTGCTTGCCAACCATTCATTGTTTTTTTAACTGCATATG
TGCAACTACTGAATCATACTATGTACATTGTGTGCATATAAAATAAATCACTATGCGCCAACG
CCTTACATACCGCTGTTAGGCACATATTTTGGCTTGTGTTTTAACTAACCTAATTGCATAT
TTGGCATAAAGGTTTTAACTTCTAAGGCCAACTAAATGTACCCTAGTTCATACATGAACCT
GTGTAAAGGTTAGTCATACATTGTTTCATTGTGTAAGTGCACATGGGTGTGTGCAACCG
ATTTTGGGTTACACATTTACAAGCAACTTATATAATAATACTAA

>gi|12084981|ref|NC_002644.1|_Human_papillomavirus_type_71,_complete_genome

TTGTTCTACTTCTTACTCATTATTATAAAATTATAATGTTTGTATAAGAAATATAGGTGTA
ACCGAAAACGGTGTAACCGAAATGGGTGCATATATAAAGCAATGCTTGGTTCAGCAGATT
TAGCTATGTCCAGCGGGGACGCATACCCACCAACCTCTTCAGACTGTGTAACCAGTACG
ACGTGGACCTGCAGGACCTGAACCTAACCTGCATATTCTGCAGAACAATTAACAGACGTG
GAAGTCGTGGCCTTGCATATAAGGAGCTGAAAGTTGTGTGGAGAAGTGGTTTTCCGTTTG
CTGCATGTGCCTGCTGTTTGGAAATAGCTGGAAAACCTAAGGCAACTTAGATATTGGCAAT
TTTCAGGCTTTGCAAACACAGTGGAATTAGACACCGGAACGCCAGTTACAGAGCAACTAA
TACGGTGCTACGTGTGTCACAAGCCATTGTGTAGTGTGGAAGAAAGAAATAATTACAG
AAGGCAGGCGATTTTATAAAATAGCAGGCCATTGGCGCGGTGCTTGCCTACAGTGTGGA
AACCATGCGAGGCCAACAATGTACCTTAAAGACATTGTCTGTCAGCTACAGCCAGAGGTT
GTTGACCTGTATTGTACAGCAATTTGCCAGCTCAGACGAGGAAGATAATAGGGTGGAC
GGTGAGCAACCCACAGAACCAGCACAGCAGGCATATAGGGTGGTTTTCTACTGTGGTAGG
TGCTGTGCTGCAGTTAGGCTTGTGGTGGAAAGCGACGAAGCAGACATAAGAGCGCTTCAA
CAGCTGTTACTGGGCACACTGACAATAGTGTGTCCCATCTGCGTGTAGCTGCCATGGCCG
ACTGTGAAGGTACAGGTACTGATGATGATGGGGGCGAAGCGGGAACAGGCGCGGGAGGGT
GGTTTTTTGTAGAAGCTATTGTGGACAGATGTACCGGCCACAGCCATCCAGTGATGAGG
ATGAGGATGACAAATGATACTGGGGAAGATATGGTGGATTTTATAAATGACAGGCATGCAG
GGGACGGACAGGAAGTGGCAGCAGAGGTGTACAGACAGCAAGAAGCATTAGATGACGAGG
CAATTGTGCAGCCCCATAAACGAAAGTTCTTGCAAGTCCTTTGTCTGCAGGGGTGTGTG
TAGACAAAGAGTTAAGCCGCGGCTAGATGCTATATCCATAGGCAGGGAATCCCAAAAAG
CAAAACGAAGGTTATTTGAACTACAGGACAGTGGGTATGGCAATACGCAAGTGGATACTG
AAGCGGCAGGAAACCAGGTACCAAGGGACGGGACGCCAGGGGGGCTGCACACAGAACAGG
AGGAGGAGCGTCAGGGGGGGGATGGGGCGGCAGGCATAGACAGTACACCAGCACACACAG
GAACAAATACAGTGTGGCTTTGTTAACTCCAGTAATCGAAGGGCAACACTGCTAGGTA
AGTTTAAAGACTTATATGGGTTATCATATATGGAATTGGTACGGCAATTTAAAAGTAATA
AAATCAACATGTTTGGACTGGGTAGTATGTGCGTTTGGTGTGTATTGCACGGTTGCGGAGG
GTGTAAAAACCTTGATACAGCAACACTGTGAATACGCACACATACAACAACAAACATGTT
CCTGGGGAGTGGTTATATTAATGCTGTTGCGATATAAGTGTGCTAAAAACAGAGATACCG
TGGCAAAGGGATTAAAGCATGTTATTAATATACCAGAAACAAACATGCTAATAGAACCAC
CAAAAATAAGAAGTACGCCTGCTGCATTATATTGGTTTAGGGCGAGCATGGGAAACGCAA
GTGACATATTCGGGGAAACGCCAGAATGGATAGTTAGACAACTGTGGTAGGACACAGCA

TGGAGGAATGCCAGTTTCAGTTATCAGTAATGGTGCAATGGGCATATGACCATGATATAA
CAGATGAAAGTATATTGGCATATGAATATGCCCCGTCTGGCTGATGTAGATAGTAATGCAG
CAGCCTTTTGTAGCAAGCAATTGTCAAGCCAAATATGTGAAAGATGCATGCACAATGTGTA
GACATTATAAACGAGCAGAGCAGGCACAAATGTCTATGTCACAATGGATATCATTTAGAA
GTGCTAAAATAACAGAAGAAGGGGATTGGCGAACAATAGTAAAATATTTAAGACACCAGG
ATATAGAATTTATTACATTTATTATAGCATTAATAAATTTTTTAAAGGGTATACCAAAGA
AAAGCTGTTTAGTATTTTATGGGCCTGCAGACACTGGCAAATCCTATTTTGCATGAGCC
TATTACGGTTTTTGGGTGGGGTTGTTCATTTCCCTATGCCAATTCCAGCAGCCATTTTTGGT
TGCAGCCGTTAGCTGATGCAAAATTAGGACTAATAGATGATGTAACCCCTAATTGCTGGA
GCTATATAGATGTATATCTAAGAAATGCATTAGACGGTAATCAAATATGTATAGATAGAA
AACACAGGCCATTACTGCAGTTAAAGTGTCCCCATTGTTAATAACAACAAATACCAATC
CGTTAGAGGAGGAACGATGGAAGTTTTTACGTAGTAGACTGCAGCTGTTTACATTTAAAA
ATGCATTTCCTTTAAATTCAAAAGGGGACCCCTATGTATCCACTAAATGATGCAAACTGGA
AATGCTTTTTTCAAAGGTTGTGGGCTCGGTTAGACTTACACGAGCAGGACGAGCAGGAGG
ACAATGGAGACACTGGCCAGCCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTACTAGAACTGTAT
GAAAAAGATAGTGACCAGCTACAGGACCAAATTAACACTGGCAACACGTGCGATGGGAA
AATGTGTTGTTATTTAAGGCAAGGGAAGCAGGAATTACTCATCTTGCCCACCAGGTGGTG
CCTGTGCTTGGTATTGCTAAAGCCAAAGCTTGTAAGCAATTGAAATTCAGTTGGCATT
AAGACATTACTTAACAGTCCCTATAGCAACGAACGATGGACATTGCGTGACACGAGCCAG
GAAATGTGGGACGCGAGTGCCTAAGCAATGCTGGAAAAAAAAGGCTACACTGTAGAAGTG
CGATACGATTGCAAAGAGGAAAAAGACAATGTGTTACACATGTTGGAGGGAAATATATGTG
CAAAACAGTACAAATGAGACATGGGAAAAAGTGTGTGGCCTGGTGGACCATGCGGGCATA
TACTATTTACACGATGGGATACGTGTAGACTGTGTATTATTCTCCAAGGAAGCAGTAATA
TATGGGGACACAGGCATCTGGGAAGTACATGTGGGTTCAAGGGTGATTTATGATGCATTC
GACTCCTCTGTGTCTAGCACCCAGGACACCCGAGCAAGACCAAGTACCCACTATTAAACCT
ACTGACCACGGACCCGACTCGCACCCCCAACAGGCCTCCACCACCACCCAAAGTGTGGGC
ACCAACGAAAACCAAGTGTGACCCCCGCCATTTAAGCGACAGCGACTCGGAGACAGACAG
CGGACCCCTGAGCAGCCCGATTCTACAAAAGCACCACAGCAGCTGGCACGTGTCAACCTT
AGGACCCAGTGTGACACTGACGGCGCACACGAGCACGGGAGGACACGTGACTGTAACAGT
GCACCTGTAATACACCTTAGAGGTGAAGCCAATAAACTAAAGTGTTTAAGGTATAGGTTG
CAAAAACATAAATCTGTACTGTTTGCCAAAGCATCCTCCACGTGGCATTGGGCCACTGGC
ACAGAGGACAATAACATGTAACAAACATTTGTAACATTGTGGCATGATAGTGTGGAACAG
CGGGCACAATTTCTAGCCACTGTACATATTCCTAAGGGCATAGAGGCCTTACCAGGATAT
ATGTCATTGTTTGCATAATCTTTGTAAATATTGTATATATTGTATCTATTGTATAGACGC
GGAACGTTAAGGGTACACACCTACCTGTAGTGCTGGAGCCCTTTCTATGCTGGGTGTCTG
CATGGACCTATGCCTACTACTACTAATTAGCTTTTGGCTGTCTATTTTATCTTCTCTTA
CTGCCTTTTTTAATTTTTTTTTGTTACTGTGTTTCTTGGGTTTCTAGCACTATATATACAGG
CAGCAGCGTCCCTTACCTAACTGTGACTTGTGACTACCACACAACCAGCCAATACTGCTA
CTACGTGTACATAACCTATCCATTTGTGTTATAGATTGCATATATGTATCCTGTTGTGGT
AAAGGATTCCCAAGGCGGACATTATGATATTGTGGTGTGGGGCCCTGATGATGTAGATGT
ATTGTTTGTGTTTTTAGTGTTGGTGTGTCTTATGTTGCTTCTGTTTTTGTACGGTTGAT
GCAGTAGGTACCCCCCTTTTGTATTGCCCTGTTTATACATATACATATACATATTGTTT
TTATTTGGTTTTTGTTTTTTGTTTTTTGTGTGTGCCTGTGTGTGTAAATAAACACATTTA
CAATGCCACGTGCACGGCGTCGCAACGTGCTTCAGTTACACAGCTATATCAGTCCTGTA
AGCTAACAGGCACATGTCCCCCTGATGTTATTAATAAGGTGGAGCACAATACCTTGGCTG
ATAAAATATTACGCTGGGGTAGTTTAGGAATATTTTTGGGAGGTTTGGGCATTGGCACAG
GGTCTGGCACCGGTGGGCGCACAGGCTATATCCCATTTGGTACACGTCCCTCCTACTGTTG
TGGATGTAGGACCTCCTGCACGCCCCCTGTGGTTATAGAAACAGTAGGGGCCCTCTGATC
CATCTATTGTGTCTTTGGTAGGAGATTCTAGTATTATAGAAGCAGGAGCACCATATCCTA
ACTTTACTGGCACAGGTGGGTTTGAGGTCACTACAGCATCCACTACTCCTGCTGTGT
TAGACATTACTCCAGGTAACACTGTGCAGGTAGTAGCAGTAGTTTTACTAACCCATCCT
TTACTGAACCTGCCTTAGTGGAGCCCCCTCAAACAGGTGAGGTTTCGGGACATATTTTGG
TTAGTACCTCTACATCTGGCACCCATGGCTATGAGGAAATACCCATGCAACATTTGCGT
CGGAGGGAACAGGCAATGAACCTATAAGTAGTACACCTATTCCTGGGGTACGCAGGTTAG
CAGGCCCTCGCCTGTATAGTAGGGCTATCAGCAGGTGCGGGTGGATGAATCCACATTTT

TTCGCCACCCTGCATCTATGGTTACATATGACAACCCTGTGTATGACCCAGAGGAACTA
TAATATTTGAACATCCTAGCATACACCAGGCTCCTGATCCAGCATTTATGGATATTGTGG
CCTTGACAGGCCGCGCCCTTACTGCCCCGTAAAGGTACGGTACGTTTCAGTCGTTTAGGAC
AAAAATCTACCCCTTCGCACCCGTAGTGGTAAACAAATAGGGGCGCGGGTACATTTTTATC
ATGACATTAGCCCTATACAACCCACCGAACACTTAGAACTGCAGCCACTAGGGCGGGCCT
TACAACAAGAACCATTATGACACATTATATGACATATATCTGACACAGATTATTCGAATGA
TACTGTCATTCAACCTACTTCTGTGTCCAGCAGGCCTACACCTACTACTATACCCCTCTG
TAACTGCCACATCAGCCGTGTCTGCCTCTCGCACACAAAATGTTACAGCACCTTTGTCTG
CAGGAGCAGATGTTCCAGTGTTTGATGGCCCTGACATTGATTTTTTCCACCTCCCATGCCA
CTACTCCTACTCCTGTAGTGCCGTCCATTGCACCTCCCAGTTCTTTTATTGTGTATGGAA
CTGAGGTATTATTTAATGCCTAGTTATATATTTTTTCTAAAAAACTAAACGTGTCCACT
ATTTTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAGCAAGGTATACCTGCCTCCTGCC
CCCCGTATCCAAGTTCTCAGCACCGACGACTATGTTACCAGAACAAAATATTTTATTAT
GCTGGTAGTTCTAGATTACTTACTGTTGGCCATCCATATTTTCTATTCGCCAGGCAAGT
GGTAAAAATCGTATAGTTGTCCCCAAAGTGCTGGATACCAATATAGAGTGTTTCGTGTG
CGGCTACCCGACCCAAATAAATTTGGACTACCTGATGCTTCATTATACAATCCCGATACC
CAGCGCTTAGTGTTGGGCTTGTAAAGGCTCTGAGGTAGGCCGCGGACAGCCTTTAGGAATA
GGTGTTAGTGCCATCCATTGTTTAAACAAGCTTAATGACACTGAAAATGCCACGCTGTTT
GATGTTAATCCTGGTGAGGATACTCGGGATAATGTTTCTATGGATTATAAACAACACAA
CTATGTATTATTGGTTGCAAGCCTCCCTTAGTGAACATTGGGCAAAAGGTACTCCATGC
AGTGGCGCTTCAGCTGCCGTGGTAGTGTGCCCCCACTTGAACCTGCCAGTACTGTTATA
CAGGATGGTGATATGGTAGACACAGGTTTTGGGGCAATGGATTTTGCAGCCCTGCAAACA
AATAGGTCTGACGTTCCCTTGGATATTGTTACTACAACATGTAAATATCAGATTATTTTCG
AATGGCTGCAGAGCCATTGGTGATCGCATGTTTTTCTTGCGCCGAGAGCAATGTTTTAAG
ACATTTTATAATAGGCAGGCACACCTAGGCAGGGTTCCTGATGACTATTATTTAAAGGTT
CACCTTCTACCTTTTCGTGCTTCCCCCTACAAGCTCTCTTTATGCATCCACACCTAGTGGGT
CCATGGTTACCTCAGAGTCACAGTTGTTTAAACAAGCCTTACTGGCTACAACGTGCACAGG
GCACAAACAATGGCATTGTTTGGGCAATCTGCTTTTTGTAACAGTTGTGACACATCACGT
AGTACAAATATGTCCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGT
TTCATGGAATATTTGAGACATGGAGAAGAATTTGATTTGCAATTTATATTTCAACTATGT
GTTATTAATTTAACAGCTGAAATTATGGCCTACTTACATGGCATGGATGCTACATTACTG
GAGGACTGGAATTTTGGTTCCCTTACCACCTCCTACTGCTAGTCTTGGTGATACCTACCGC
TTTTTACAGTCTCAGGCCATAACCTGTCAGAAAAACAGTCCTCCTCCTGCAGAAAAAAG
GACCCCTATGCAGATCTTACATTTTGGGAGGTGGATTTAAAGGAGCGGTTTTCACTAGAA
TTGGATCAGTTTCCATTGGGGCGCAAGTTTTTGTCTGCAAAGTGGCACCCGCTCGCGGCCT
ACTGCATTGTCCCGTAAAAGGGTGCAGCATCTACCACATCCACCGCCCCCAAACGTAAA
CGTGTTAAACGCTCCCGGTAGTAGTGGTGTTGTGTGTGTGTGAGTATGTATGTGTATGTGT
GTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCATGTTTATATATGTATATGTGTTTGTGTG
TATATTGTATGTTGTTGTGTACGTGTGTATATACTGTGCGACCCCTGGCTTCCTGTATG
CATGTTTGTGTTGTTAATAAATGCGTGTCTATGTATGTGTGTTATTTGGTTGCACCCCTGT
GAGTAAGTGTGCAAGCAGATATAACCCCCCTGTCCGGTGACGCCTTACTGACCAGTGAC
CATGCCCTGCCCTTGGCCCCCTGGTTATATTTAAGGAACGAACCGTTTTTCGGTTGCCTAAA
ATGGCCGCGCTTTTGGCTGGCGGCCCGCGTTTTTGGCGGGCTACTATACAATGGGTAATCC
TTGTATTGCTTCATATCCTTTCCAACACAGGTGTGCATACCATCATAAGGTGTGCCTGGC
AGTTATTTGGCACACTATAAATGCATGTTATAATTAACCTTTAATACATGTGTTACTCACC
GTGCAATACCCATTGTTTGGGGCATATAGTTGTGCTGACTATGTTTCGCCTAAGTACGTTT
TTGGCAACAGCAGTGTAGTTTCTGTCCAAGAATGTGTCTGCTAACTTTTATAATGTACTT
AGCAACATGGTTTATACACACCTAATCCGGTTGTTCC

>gi|9628574|ref|NC_001694.1|_Human_papillomavirus_-_61,_complete_genome
TAACAATCATATATGTAAAAAGTAGGTTGGCACCGAAAACGGTCGGACCGACCTGGGTAC
ATATATAAAGAAACCGTAGGGTCAGCAAAAGCACACTCATCTATGGGACCGTGCAATCCAA
CTAATATTTTCTGCTCTGCAAGGACTACGAGGTGGACTTTGAGGATTTAAGGCTGACAT
GTGTATTTTGCAAAAATGAATTAACAACAGAAGAATTGCTGGCGTTTGCCTAAAGGAGC
TAAGCATTGTGTGGAGACATAACTGGCCATTTGGAGTATGCGCACCATGCTTGGCACGTG
AAGTAAAAGTGAGGGAGCTGCGACATTGGGACCATTCTGTTACGGACCCACTGTGGAAC

AGACAACAGGACGGTCATTAGCTGAACTATATATACGGTGCCATGCATGCAGCAAACCGT
TAAGTATACAGGAAAAGGAGCATCAGGTACAGGCATACATCCACTTCCACTATATAGCTG
GACAGTGGACGGGAAGGTGTTGCCAGTGTAGAGGGCCATGCACGGCCAGGTGGCAACCAT
AAAGGACATAGTCCTTGAAGAGCGTCCTGAGGTGGTTGACCTACATTGCAATGAGCAGTT
ATTAGACAGCTCAGAGTCAGAGGAGGAGGATAGTGTGCGTGAGCAACTTGTGAACAAGC
ACAGCAGGCCTACAGGGTGGTTACTACCTGTGGCATTGTGTAAGTGTCCAGTTAGGCTGGT
GGTGCAGTGCGGAGACGCAGACCTGAAGGTGCTACATGAACTACTGCTGGGCGACTTGTC
CATAGTGTGTCCTGGCTGCGCATAAGGGACATGGCTGACAGTGAAGGTACAGAAAAGCGGG
GATGGGACCGAGGCGCGGAACGCGCAGGGGGGTGGTTTTCTGGTAGAAGCCGTGGTAGAC
CGCACCACAGGATACCAGGTGTCCAGTGATGAGGAGGACAATAGCATTGACACAGGGGAA
GACCTAGTAGACTTCATAGATACAAGGCGCCCCGGGGATGGGCAGGAAGTGCCGCTTGCG
TTGTTTCGTTCAACAAAATGCACAGGATGACGCTGCAACGGTGCAGGCACTAAAACGAAAG
TATACATGTAGCCCTGCAAGCAGCACCTGTGTGTCCTTGGTGGACAGTGAATTAAGTCCC
CGGCTGGACGCCATACGGATACACCGGGGACAGGACAGGGCTAGGAGAAGGCTGTTTGAG
CAAGATAGTGGCTATGGCCATACGCAAGTGGAATTTGGAGCATCAGAAAGTCAGGTACCG
GGGGATGCGCAACATGAGGGGGGGGGGAATCCGTGCAGGAAGCAGAGGAGGAGCGTGGG
GGGGGGGACGGAGAGGCCGAGGCCACAGGTAACCAGGAAACGCAAGCGCAGGAGCAGGCC
GCAGACATATTAGAGGTGTTTAAAGTTAGTAATTTAAAAGCAAAATTACTGTACAAATTC
AAGGACCTATTTGGCAGTAGCATTGTGGGAGCTGGTAAGAAATTTTAAAGTGATAAGTCA
ATATGTGGGAGCTGGGTAATATGTGCGTTTGGTGTATACCATGCTGTGGCAGAGGCTGTA
AAAACCTTAATAACAACCTATATGTGTGTATGTCACACATACAATAACAGACATGCCAGTGG
GGAATGGTAATATTAATGCTTGTGCGATACAAATGTGGGAAGAGCAGGGAAACAGTAGCA
CACAGCATGGGAAAACCTGTTAAACATACCGGAAAGACAGATGCTAATTGAACCACCAAAG
ATTAGAAGCGCACCGTGCGCACTATATTGGTATAGAACAGCCATGGGAAACGCCAGCGAG
GTGTATGGCGAAACACCTGAATGGATAGTAAGACAAACAGTGGTAGGACATGCAATGCAA
GAAGCACAGTTTAGTTTGTCCATGTAGTGCAATGGGCATATGACAATGACATAACAGAT
GAAAGTGTGCTGGCCTATGAATATGCATTGCTGGGAAATGAGGACCCAAATGCGGCGGCC
TTCTTGGCCAGTAACTGCCAAGCAAAGTATATTAAAGATGCAATTACAATGTGTAAGCAT
TATAGACGTGCAGAGCAGGCAAAAATGACAATGGCACAGTGGATTACACATAGAGGCCGC
AAGGTGGCAGACACAGGGGATTGGAAGGCTATTGTAAAGTATTTAAGATATCAACAGGTA
GAATTTGTACCATTTATTAGTGCCTTAAATTTGTTTCTAAAGGGGGTACCAAAAAAAGC
TGCATGGTATTTTACGGACCAAGCGACACAGGGAAGTCGCTATTTTGCATGAGCCTACTA
AATTTTCTGGGAGGAGCTGTGATTTTCATATGTAAATTC AAGCAGCCATTTTGGTTATCA
CCTTTAGCAGATACTAAAGTGGGACTACTGGACGATGCCACCTATCAGTGCTGGCAATAC
ATAGATACATATTTACGGACAGTATTAGATGGCAATGCCATAAGCATAGATAGGAAACAC
AGAAATTTAACACAGCTGAAGTGTCTCCATTAATGATAACAACAAATATAAATCCACTA
GAGGATCCTACGTTTAAATACCTGCACAGTAGAATAGTGGTGTTCAGTTTTTACATAAG
TGTCCACTAAACAGTAATGGGGACCCAGTATATACCCTGAATAATGAAAAATTGGAAATCA
TTTTTCCGAAGGTCCTGGGCACGCATAGAGGGATCTGATCAACAGGAGGAGGAGGAG
GAGGATGAGGATGGAGTCACTAGCCGACCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGAAATTACTAGA
CCTCTATGAAAAAGATAGCAACAAGCTTGAGGACCAAATATTGCATTGGCACTATGTGCG
TTTGGAAAAATGCAATGTTATTTAAGGCACGACAAGCAGGACTAACGCGTGTGGGCCACCA
GATGGTGCCAACTTAGTGTTACAAAAGGCAAAGCACATAAAGCAATTGAAGTACATCT
GTCATTGCAAGGGTTACAAACAAGTGCATATGCGCATGAACCCTGGACATTGCAAACCAC
CTCTTTGGAAATGTGGAATACGCAGCCACAACGATGCTGGAAGAAAAAAGGACGCAGACT
AACAGTTAAATTTGATGGCGAGGACCACAAAGCAGTGAATACGTTAGTTGGGGGTATAT
TTATGTACAAAGCACAGAACTGATCTGTGGTATAAGGTTTCTGGAAAAGTGTATATAA
GGGCCTATATTATGAAATGGAGGGACAGGAACACTATTATGTGACATTTGCACAGGAGGC
CCAAAAATATGGGGAAACAGGCAAAATGGGAGGTACATATGGGAAACACAGTGATTTATGA
ACCTTGCGCCTCTGTATCTAGTACCCAGGACGCCGTGCGAGAAGTATCCACTGCTGAAAC
TGCTGGACACCTGCGGGACAACACCACAGACACCACCACCCCCACGTGCGTGGGCC
CACCACAGACATCCACCTCGGTGCAGACGCCGCCCTCATAAGCGACAGCGACTCCACAGAGA
CAGAGAGCAGCAGCCCGACACAACACAAAAAGACAACCACAAGCGGGTGGACAGTACTGA
CCAGTGGATCAACGGTCACCGTAACAGCACAGAAACAGGGGACAACCTGTGACAGTTACAG
TTCACCTGTAATACACCTAAAAGGTGATCCAAATAAATTAAAGTGTTTTCGGTATAGGTT

ACAACATTTCAGTACCTGAGCTGTTTGACAAAGCATCATCCACATGGCATTGGGCCGGTGG
ACAAAGTACAACCAGAGCAGCATTTGTAACATTGTGGTATGTTAATGTGGAACAACGAAA
ACAATTTTTTAAATCGTGTAACCATTCCAAAGGGTATACAAGCCACTGCAGGCTATATGTC
AATGTGTATATAAGTGTGTGTATACAAAAACATAAATACTGTGTTGCAAGTATTGAGCCA
GCTACAGCTATTTACATACCACACCTGCATTATTGTGTAAACCATAAACAATCCTGGACG
AGCTTGTGTGTTTGATAGATGGATGGTGTACGATACTCCTGCTGCTTATACTTTTTCTGGC
TTTCCTATCTTTCCTCACTAAGCGCATTTTTTGGTGTCTTTCTGTGCCATATATGTAGGAT
TGTTGTGCATATACATGCAAGTGTTGTGGTATATGGAATAACTGTGGCGCCACCAGCCAT
ACACTGCTGCTCATATGTAAATAGTGTTCCCTTGTGTCTGTTGTTTCGTTTGCAATATGTAT
CCCCTTGTAGTTAGTTCCTCCTCAGGGGTTTGCATTACTGGTTGTGGATCAGCAAACTGC
GGATTGTTATTTTTGTTTTTGTCTATTACTGCTTATTGCAATACTGTTGTACAGGCTTTTA
CATTAGGTGGTGTACCTTGTGTGTTTTCCCTCCCCACAGTTTTTTACTTTGTTATATTTT
TATATGTTTATGGCCTAATAAACATTATGGCTCTTAAACGTCGCAAGCGTCATCTGCAA
CTGACCTCTATCGTACATGTAAACAATCAGGCACATGTCCCCCTGATGTTGTTCCAAAGG
TGGAAGGGGATACCTTGCTGACCGCATTTTAAAGTGGGCTAGTTTGGGGGTTTTCTTTG
GGGGATTGGGTATAGGCACCGGCTCTGGTACTGGGGGTCGTAAGGTTGTTGCTTATTG
GCACCCGGCCTCCTACTGTAGTGGATATTGGCCCTGTGTCCCGCCCCCTGTAGTTATTG
ATCCAGTGGGTGCTGCCGATCCCTCTATAGTTACCCTTGTAGAGGAATCCAGCGTCATTG
AGGCTGGGGCTACAGTCCCTACATTTTTCCGGGTCCGGGGGCTTCAATGTCACGTCGTCTT
CTACTACGACCCCGGCTGTGTGTGGACATTACTCCATCGGGTGGGTCGTGTCAGGTTAGCA
GCACCAGTTTTTATTAATCCTTTATTCACTGAGCCTTCTATTATTGAACCTCCTCAGGCAG
GGGACCTTGCCGGCATGTCAATTTCCAGTACCCCTACCGCTGGGTCCACAGTTTTTGAGG
AAATCCCAATGCACACCTTTGCTACCTCTGAGGGTCCTGGAAGTAGTACCCCGCTGCCTG
GCATCCGTCGCCTTGACGCGCCCCGCTGAATTTATACAGTAAGGCTAACCAACAAATTA
AGGTTGCTAACCTACATTTATGTCTGATCCAGCCTCCTTAATTACATATGACAATCCTA
TATTTGATCCTGAGGAACTATTATATTTGAACATCCTAGTATATATACACCTCCTGACC
CGGACTTTTTAGATATTGTGTCCTTACACAGGCCCCGCGCTCACATCCCGCCAGGGAAGT
TACGGTTTAGTCGCCTTGGTCAACGTGCCACCTTGCGTACCCGTAGTGGTAGGCGCATTG
GCGCTCGGGTACACTTTTACCATGACATTAGTCCCATTCCATCGGATGCTGTGGAGTTAC
AGCCTTTGGTGCCGTCCTCGTCCCCTAGTATAACATATGATATATATGCTGACCCTGAGG
TGTTGGATCTTCTGCACAACATACACAACCCACACTTACAGTACAGGGCCCTTCCCTCT
CTGCTGCATCTGCATCTACCAAGGTACACAATGTCACTGTTCCACTGGCCACAGGGCTTG
ATACGCTGTGACATCTGGCCCTGATGTTGATTTTGCACATGCTCCTGCGCCTGTACCAG
CTGTACCATATGTACCTGCCACCCATCCACATTCTATATATATATTCAGGGCTCTGATTTTT
ATTTGTTGCCTGCTTATGTGTTTTTTTCCATAACGTGTAACGTGTACCCCTATTCTTTTT
CAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTATACCTGCCTCCCACTCCTGTGTCT
AAAGTTATCAGTACTGACCGTTATGTGCAACGCACCAACTTATTTTATTATGGTGGCAGT
TCCCGTCTGCTTACTGTAGGACATCCCTATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGGGC
AAGAAAAACACTATCCCCAAGGTGTCTGGCTATCAATATAGGGTGTTTAGGGTACAGCTT
CCTGACCCTAATAAATTTGCTTTGCCTGATGGCACCTTGTATAATCCTGATACTGAGCGC
ATGGTGTGGGCCTGCAGGGGCATTGAGGTTGGTAGGGGGCAGCCATTGGGGGTTGGTACT
AGTGGTCACCCGCTGTACAATCGCCTGGATGACACTGAAAACACCACATTACTTGTGCA
GAGTCTCTGACAGTCGTGACAATGTGTCTGTTGATTATAAGCAGACCCAGCTACTTATT
GTAGGTTGCAAACCCCTATTGGGGAACACTGGACAAAGGTTACTGCTTGTGCTAACCCC
GCGCCCCGGCCACTGACTGTCTCCTCATTTGGAATTTACAAATACCACCATACAGGATGGC
GATATGGTGGAAACAGGCTATGGGGCCATTGATTTTGTCTGCATTGCAGGAAAAATAATCT
GAAGTGCCATTGGATATTTGCACCACTATATGCAAGTATCCTGATTATTTACAAATGGCT
GCTGAACCATATGGAGACTGTATGTTTTTTGTTTACGCAGGGAACAAATGTTTGCTCGC
CACTTTTCAATCGCCAGGGTGTATGGGTGAGGCACCTGACTCTTATTATCTTAAG
GGTGCGAATGACAAGGCGGCCCTGGGTAGTTATATTTATTCCCCTACGCCCTAGTGGCTCT
ATGGTGTCTCTGATTCCCAATTATTTAAGCCATATTGGCTGCAACGTGCCAGGGC
CACAACAATGGTATTTGTTGGTTTAAATGAATTGTTTGTAAACGTTGTGGATACCACCCGC
AGTACTAATTTAACCATTTGTACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACA
AGCTTTAGGGAATATTTGCGCCATACAGAGGAGTTTGATTTGCAATTTATTTTTCAGTTA
TGTAATAATACATTTAACCCCTGAAATTATGGCCTACCTACATAATATGAATAAGGCCTTG

TTGGATGACTGGAAC TTTGGTGTGGTACCACCACCCTCTACCAGTTT TAGAAGACACATAT
AGGTTTTTGCAGTCCAGAGCTATTACATGTCAGAAGGGTGCTGCTGCCCCGCCGCCAAG
GAGGATCGCTATGCCAAGTTATCCTTTTGGACTGTTGATTTACGAGACAAGTTTTCCACT
GATTTGGATCAGTTTCCTTTGGGGCGCAAGTTTTTATTGCAGGCCGGTCCCCGCTCAGTA
TCTGTGTCACGCAAACGTGCTGCCCCAGCTCTACCCCTACATCCTCCCCCTGCTACAAAA
CGCAAAAAGCGTAAACAGTAGTGATGTTTGTCTGTATGCTGTTGTTGTGCATGTGTTGTT
TTGTATTGTGCTGTACTGGCCTTGTGCATGTGCTGTTTGTATGGTGCCTGGTTTGTATGA
CTGTATTTGCTATGGTTGTGTATTGTGTGACCCTGTACTGACCCTTGTCCCCCTGTGTTGT
GTATCTGTGGAATGTGTGTTACACTGTGTGTGCATTAATAAACTGTGTGTCATGTGTGTG
TGGTGTCCGGTGCACCCTGTGAGTAAGTGTGTTTATTGTTGCACGCCCTTATTTTGTGCAG
CTTCCCCATTTCTGTGTTCCCTTGTGTTTCGGGTAGCCATTTTGTGTTGCCGACCGTTTTCG
GTCTCCCGCCTTTTTTGTGCGGACCGGTTTCGGTCGCCCCGCTTTTTTGGTTGTGGCACT
ATGCCACTGTACACATACCACATCCTGTTTAAACAACTTTATGTGTTGCACCTGGGTGT
GTTTGACAGGTTGCTAACACACACAGTTTGAACAATGCTCCATCTATCTTTTTTGACAT
GTTGTGCAATTACTGTGCTTTTAGGCACATATTTTGTGCTGACTACTTCCCTTAATTGC
TGGTTTGGCATTGCTTGTATACTTTTCTAGCCAGGAACTGTCTTGCAACTTTGGGCATG
TTTTACACACATTATGTTACAAAGCCGATCCGGTCGCTCCCTATGTCTCATTTCTTTTAT
GATAGTTTA

>gi|9627389|ref|NC_001595.1|_Human_papillomavirus_type_7,_complete_genome

TGTTTAATAATTGTACAGTTACTAAAGGGCGTAACCGAAACGGTCCGACCGAAAACGGT
ACATATAAAAACCAACCCAAAAAACCCTGATCTGGGGCCACTATGTCTGCACGTTGCGGCT
CCACAGCTAGAAC TTTATTTGAATTATGTGACCAGTGCAATATAACATTGCCTACGTTGC
AAATTAATTGCATATTTTGTAAACAGCATTTTACAAACAGCTGAGGTGCTGGCCTTTGCAT
TTAGAGAGTTATATGTAGTGTGGCGCAACGACTTTTCCTTTTGCAGCGTGTGTAAAGTGTT
TAGAATTTTATGGAAAAGTGAATCAGTATAGGAAC TTTAGATACGCTGCATATGCACCAA
CAGTGGAAGAAGAAACAGGATTAACAATTTTAGAAGTGAGAATAAGATGCTGCAAATGCC
ACAAACCATTGTCTCCTGTGGAAAAAACCAACCACATTGTTAAGAAGACACAGTTTTTTTA
AACTGCAAGATTTCGTGGACAGGGTACTGTCTGCACTGTTGGAAGAAATGCATGGAGAAAG
GCCAACGCTCGGAGACATCGTGTTAGACTTGCAACCCGAACCAGTAAGTTTAAGTTGCAA
CGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAAGATGACCATGAACAAGACCAACTAGACAGCTC
ACACAATAGACAGCGTGAGCAACCCACGCAACAGGACTTGCAAGTAAATTTGCAATCATT
TAAATAGTAACACATTGTGTATTTTGTCACTGTTTAGTTTCGCCTAGTAGTCCATTGTAC
TGCTACTGATATAAGGCAGGTTTCATCAGTTGCTGATGGGCACACTAAATATAGTGTGCCC
CAACTGTGCAGCTACAGCGTGACAACAATGGCAGACGATTTCAGGTACAGAGGATGTGGGG
TCTGGGTGTTTCAGGATGGTTTTTAGTTGAGGCTGTGGTAGATAAACAACAGGTGATGTA
GTTTCAGAAGATGAAGATGAGGATGCTATAGAGGACAGTGGATATGATATGGTAGATTTT
ATTAATGATACTGTAGTAAGTGAACATGAAGAACTAAGTAATGCACAGGCTTTGTTACAT
GCACAACAGACATGTGCAGATGCTGTAGAGTTGTGTGAGCTAAAACGAAAAGTACATTAGT
CCATATGTAAGTCCTATTTCAGTGCTCAGAACCGTCCGTGGACGGGGATTTAAGTCCAAGG
CTGCATGCCATAAAGCTTGGCGGCGGTAAAAAGGCTAAAAGGCGGTGTTTGTGAGCGATTG
GAGCAGCGAGACAGTGGCTATGGCTATTCACAAGTGGAACAACAGAGACACAGGTAGAG
GAAGAACATGGCGAACCGGAAGGTATAGAGGGGGGCAGTGGGAGGGCTGCGACAGTTGAA
ACGGAAGCGGTTGAAGTGCTAGAAGAAAGCAGTGATGTTATACAGCAACTTAGTCCGCGT
ACACAGGTGGTAGAGCTGTTTAAATGCAAGGATTTAAATGCTAAACTGTGTGGTAAGTTT
AAGGAAC TTTTGGAGTGGGCTTTCACGATTTGGTTAGACAGTTTAAAAGTGATAAATCA
ACGTGTACAGATTGGGTGTACGCAGTGTTTGGGGTTAATCCCACTATAGCAGAAGGCTTT
CATACATTATTAAAAGGACAGGCATTATACTTACATACACAGTGGACAACGTGTAGATGG
GGTATGGTATTGCTTGCATTGTGTAGATATAAGGTAGCAAAAAATAGAGAAACAGTAGTG
CGGCAGCTTGCCAAAAATGTTAAATGTACCAGATAATCAACTAATGGTACAACCACCTAAA
TTACAAAGTTCTGCAGCGGCTTTATTTTGGTTTAGATCAGGAATGGGTAATGGAAGTGAG
GTGTCTGGCACAAACACCGGAATGGATAGCTAAACAACAATGTTGGAACATAGTTTTGCT
GAAGCACAGTTTAGTTTAACTCAGATGGTGCAGTGGGCATATGATAATGGGCATACAGAT
GAATGTGAAATAGCATATTATTATGCACAAATAGCAGATATAGATGCAAAATGCAGCAGCG
TTTTTAAAAAGTAACAATCAAGCTAAATATGTTAGAGATTGTGCAGCTATGTGTAAGCAT
TATAGGTTGGCAGAAATGAGGCGGATGTCAATGGCAGACTGGATAAAGCATAGAGGTGAA

AAATGTGATGAAGGAGATTGGAAGCCTATAGTTAACTACTAAGATATCAACATATAGAC
ATAATTGTGTTTTTAGCTGCGTTGAAAAAATGGCTACATGGAATACCAAAAAAATTTGT
ATTTGTATTGTTGGACCTCCAGATACTGGAAAGTCATGTTTTGGTATGAGTTTGATGCAT
TTTTTGC AAGTACTATAATTTTCATTTGTTAATTCGTGTAGCCATTTTTGGTTGCAATCA
TTAGTGGACGCAAAAGTAGCTATGTTAGATGATGTGACTTCTGCATGCTGGGCCTATATG
GATACACACATGAGAAATTTATTAGATGGAAACCAACAAGTATAGATAGAAAACATAAA
TCATTGGCTGTGATTAAATGTCCTCCATTATTGTTAACATCAAATATAAACATTTAAACAT
GATTGCAAAATATCAATATTTACAGAGTAGAGTGACAGTGTTTGAATTTCCAAATCCATTT
CCATTTGACAGCAACGGAAATGCTGTGTATGAATTAAGTGATGCAAAATTGGAACCTCCTTT
TTTTAAAGGTTGGCGTCCAGTTTAGAGCTGCAGACAACAGAGGACGAGGATGGAGAACT
AGCCAGGCGCCTAGATTTGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAATTTTATGAACAAGACAGCAA
ACAGCTACAGCACCATATATTGCACTGGAAATATATACGTTATGAAAGTGTAATATATTA
TACAGCAAGACAAATGGGCATTAAACGTCTGGGCCACCAGGTGGTGCCAAGTTTAGATGT
GTCAAAAGCCAAAGCCCATGCAGCAATTGAAATGCAAATGTGTCTAGAATCTTTGCAAAC
TACTGAATATAACTTAGAGCCATGGACGTTACAGGACACAAGTCAAGAACTATGGCTTGC
AGAACCAAAGAAATGTTTTAAAAAAGGAGGAAAGACAGTAGAAGTTAGATTTGACTGTAA
TGAACATAATGCAATGCATTATACTCTATGGACTGCAGTATATGTACAGGTGGAGGATAC
ATGGACAAAGGTTGAAGGCCAGGTGGACCACAGAGGCCTATTTTATACAGTGCATGGGTG
CACAACTATTATGTAGACTTTGGAAAGGAAGCACATACATATGGGAAAACAAATGACTG
GACTGTTATTGTGGGTTCACGCGTTATATGTTCTCCTAGTACTGTCGAAGGGCTACCCAT
TGTTGCGCCTGTTGACATCAGACATCCCCGCGCCACCGACGCCACCGACGCCACCAAGGT
GCACGACGCCCCCTACGCCCTGCCCGCGTCGACCACCAAGTATACAACGACAGCCACGC
ACCGCCCCGAAAGCGAAGGAGAGACGGAGACTTGTCCATCAGTGCAAGTGACGGATGTAG
TGGAAGAAAAATACGTGGACACTGGAAAACAGAGCACGCTCGCCTGATATTGAAAGCAACAA
CAAAATCAGGAACAGTGGTGGAGGTCAATTCTACACCTATAATACAACCTGGAAGGTGATGC
CAATTGTTTTAAAGTGTTTTTAGATATAGGCTAACAAAGGTTAGCCATTTATATACAAATTC
TTCAACTACATGGAGGTGGACTACAGAATCTAGAACAAATAAAAAATGCCATTATAACATT
AACATATAGTAGTGACACCAACGGTCACAATTTCTAGCACTTGTA AAAATACCTAAAAC
TATTAAACATAGTTTTAGGCATGTTA ACTATAATGTAAATATGTTTGTATATTTGTAAAAA
ACATATGTATGGAACGCAACTGTGAAGGGTAATGCATATGCATTTACCACACAACCAGCC
AAACTGCTGTTATTGGTGTTAATAGAGTCAACGCTTGGCATACTAATAGTATATATACTC
TGTCTTATAACTGCAATTTTAATATGCATGCATATACCTGATTTCTGTGTCTGGAGCTCT
TTGATGGCCACTATTTCTATTCTTTGCTTTATAACGTGGGGTGCACTAACATCTATTATT
AACGTATTTTTTTTTAGTGTTGTTAGTGTTGTTATTTGCCTGCACTGTTCTTCATATGTCA
ATTGTGTATGCTATACAACAAGAACAACAATAACAATAATTGCAAATATGTTAACCTGTA
AATTAGATGATGGTGATACATGGATGGCATTATGGATGTTACTTACATTTATAACTGTAT
TGTTACTGTTATTGGCGTTTTCAATTGTAGGACATTATATGTATACAAATATAGTAAGTAAA
ATACTGTGTATTAATAAAATATTTTTATATTTGCAGCGCCTTGTTATGGTGTCCAGCAGG
CCCCGTAGGCGTAAGCGGGCGTCCGCAACACAGTTATATCAAACATGCAAGGCAGCAGGC
ACCTGTCCACCAGATGTTGTTAATAAGGTGGAGCAAACAACCGTTGCAGATCAAATTTTA
AAATGGGGCAGCATGGGAGTGTTTTTTGGCGGTCTTGGCATAGGTTTCAGGCTCTGGCTCA
GGCGGCCGTGCTGGCTATGTGCCTTTGTCTACAGGTTCCCGTGCAATACCTCCTAAATCA
TTAGCTCCAGATGTTATTGCTAGGCCGCTGTTGTGGTGGATACTGTGCCCCCACTGAT
CCATCCATTGTATCTTTAATTGAGGAAAGTAGTATTATTTCAGTCTGGGGCTCCTTCGCCA
GTAATTCCCACAGAGGGTGGGTTTTCAATAACATCATCAGGTACAGATGTCCCTGCAATT
TTAGATATATCTTCTACTAATACAGTACATGTTACATCTACCACACACCATAACCCATA
TTTACTGATCCTTCGGTTGTGCAGCCTATTCCACCTGTAGAGGCTAGTGGTCGTATCATT
GTGTCGCATTCCCTCTATTACTAGTGGTGCAGCTGAAGAAATACCTATGGACACATTTGTT
GTTCATATGATCCACTGTCTCAGTACACCTGTGCCTGGTGTGTCAGCGCGGCCTAAAGTT
GGGCTATATAGCAAAGCTTTGCAGCAAGTAGAAATAGTAGATCCAACATTTATGTCCACC
CCTCAACGTTTTAATTACTTATGACAATCCTGTATTTGACAACATTGAAGATACACTACAT
TTTGAACAGCCTTCTATTTCATAACGCACCAGATCCTGCCTTTATGGATATCATTACTTTA
CATAGGCCTGCCTTGACCTCTAGGCGTGGTGTGGTACGTTTTTAGTAGGGTGGGTCAACGT
GGAACCATGTATACACGTCGTGGTACCCGTATTGGTGGTTCGTGTACACTTTTTTTAAAGAT
ATTAGTCCTATAGCTTCATCTGAAGAAATTGAATTGCACCCTCTAGTGGCCTCACCTAAT

AACAGTGACCTTTTTGATGTTTATGCAGATATAGATGATATTGATGAAAAATATATTATAT
TCTACTATAGACAATAATACACCAACTTCTACCTATTCCTTGTATCCAGGTAATTCTACA
CGCATAGCAAATACATCTATACCTCTTGCCACAATTCCTGATACATTCTTAACATCTGGT
CCTGACATAGTGTTCCTTCTGTTCCCTGCAGGTACACCATATTTGCCTGTGTACACCTTCT
ATACCTGCCATATCTGTACTGATTCTGCGGTACTGATTATTATTTGAATCCTGCATACTAT
TTCAGAAAACGCCGAAAGCGCATATTAGCATATTAGGATGTGGCAACTTAATGAAAACCA
AGTGTATTTACCACCGCCACGCCTGTTGCTACAATTGTTAGCACAGATGAGTACGTGCA
ACGCACCAGTTTATATTATCATGCAGGTAGTACCAGGTTATTAACCATAGGACATCCATA
TTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCTAAAGTGTCTGGACATCAATA
CAGAGTGTTTAGAGTACGCTTGCCCGACCTAATAAATTTGGATTATCAGACACGTCTTT
ATTTAATTCTGAAACCCAACGCCTTGTATGGGCCTGTGTTGGTGTGAGGTCGGTCGAGG
TCAGCCATTAGGTGTAGGCATTAGTGGTCATCCATACTTTAATAAAGATGAAGATGTGGA
AAACTCGTCTGTATATGGAACAGTACCTGGTCAGGACAGCAGAGAAAAATGTTGCTATGGA
TTATAAACAACTCAGTTATGTATTGTAGGCTGTACTCCTCCTATTGGAGAATATTGGGG
TATGGGTACACCGTGCAATGCTTCTAAAGTGTCTCCTGGTGAAGTGTCTGTACTAGAATT
AAAAAGTGAAGTTATTGAGGATGGCGACATGGTTGATGCAGGCTTTGGTGCCATGGATTT
TGCATCATTCAGGCCAATAAAAGCGATGTGCCTTTAGATTTATGTACATCTATTAGTAA
ATACCCAGATTATTTAGGAATGGCTGCAGAACCGTATGGTAATAGTTTATTTTTTTTTCT
TAGAAGAGAACAATGTTTTGTTAGGCACTTTTTTAATAGGGCAGGAAGTACTGGAGACAG
TGTTCCAAATGATTTTATATATAACAGGTTTCATCTAATCGCGCTTCTATTGCAGGCAGTAT
TTATTATTCCACACCAAGTGGCTCTCTAGTTACCTCTGATTCTCAGATTTTAAATAAAC
TTTGTGGATACAAAAGGCCAGGGTCATAACAATGGCATTGTGTTTTGGCAATCAGTTATT
TGTTACAGTTGTAGATACTACTCGTAGCACAAATTTAACATTATGTGCTGCTACACAATC
GCCCACACCAACACCATATGACAATAGTAAGTTTAAAGAATATTTACGTCATGGGGAAGA
GTTTGATTTACAGTTTATTTTTTCAGTTATGTGTTATTACATTAAATGCAGAGGTTATGAC
ATATATACATGCTATGGATTCTTCCTTATTAGATGATTGGAATTTTAAAAATTGGTCCTCC
AGCGTCTGCAACCTTGGAAGATACTTATAGGTTTCTTACCAATAAAGCCATAGCATGTCA
GCGTGATGCACCCCCAAAAGAAAAGGAGGATCCATATAAAAAATATAAATTTTGGGAAGT
AAATTTAACAGAAAAATTTTCATCTCAGTTAGATCAATTTCCATTAGGACGTAAGTTTCT
TATGCAGGCAGGCCTACGCACAGGGCCTAAGTTTAAATCCAGGAAGCGACCTGCCCTAC
CTCTTCTTCTCTTCTGGGTGAGTCACCCCCAAACGTAAGAAAACAAAACGATGATTGTG
TATGTGTGTGTGTGTGATACTCCCTTGCACTCCCTTATGTGTTGTTACTCTGGAATGTAT
GTATGTGTTGTTTATGTATGTGTGTTGTATATGTTGTTTATGTGTGAGAATGTATTTGT
GTGTATGAATGTAATGTATTGTTGTTGTGTTTGTTAATAATAAATATATTGTGTGTTGTG
TGGTAAAGTACTTTCTTTGTTTTTAAAGTTACTTATTAACTCACTTATTTTAAATGTC
TGCTCTGCACACTGCAACCGTTTTTCGGTCGCGGTTGGCAACTCATTACATTTGTCAGCAT
GTTTTTATAACATGTTTAAAATTGTTAGCTTTATATAACTATATAAATCCTTCAATTTCC
ACCCATAACCGTTTCCAGTCTCGGTTGGCAAGTCACCATGTTTGTGAGCATATTTGCATT
GCATGTTTCAAATTGCTAGGTCAAAGTTCCCTGCCAAAATGCCGCCCAATATGTACTAT
TAGGGTGAGGTTGCCACACCTTTAATTACACTTTTATTGCACTGTTACTCATCTTATTTT
ATACGCTTCCAACTTGCTTTTAGGCACATAGTTTTACTGCATAAACATTTAGCTAATAG
CAGTTTGGCACCACATAACACTATGGTTAACAAAATACACATTACTCATGGTACACACCT
GCAAACCGCTTTCGGTTGCTACACGTTTTATTACTTTCTAGTTATTA

>gi|9627257|ref|NC_001576.1|_HumanPapillomavirus_type_10,_complete_genome

TTATAAACTATAATCTAGACAATAATAAATAGGGAGGGACCGAATACGGTGCGACCGAAT
GGGGTACATATAAAACAAGGCCCGTAGCATCTGCAGAAGCTATGTCCATGGGTGCACAGG
AACCCAGAAACATATTGCTTTTGTGTAGAAATTGTGGAATACCTTTGGAGGACCTTCGCC
TGTGCTGTATATTTTGCACAAAACAGCTGACCGCAGCGGAATTGGCAGCATTTGCACTTA
GAGAATTATATTTGGTGTGAGAGCGGGAGTGCCATACGGTGCCTGTGCACGGTGTTTAC
TCCTACATAGGGCATTGTACGACGCCTAAAATATTGGGACTATTATATATGTAGAAGGTG
TGGAAGAGGAGACCAAACAATCTATATATACACAGCTGATCAGATGCTACATGTGTACA
AACCGCTGGTAAGGGAAGAAAAGACAGACATCGTAACGAACGGGACGACTGCACAAAA
TATCAGGGTACTGGAGAGGTAGTTGTGAGTATTGCTGGTCACGATGCACGGTCCGCATCC
CACAGTAAAAAGATATCGAATTGAGTCTTGACACAGAGGATATCCCTGTATGCAATGTGCA
ATTAGATGAAGAAGATTATACAGATGCGGTGGAACCAGCACACAACAAGCGTATAGGGTGGT

AACAGAATGTACAAAGTGTAGTTTACCACTGCGACTGGTGGTAGAGTGCAGCCACGCAGA
TATAAGGGCACTGGAACAGCTGCTACTAGGCACATTGAAGCTCGTGTGTCTCGCTGCGT
GTAACAGGACATGGACGATAATACAGGTACAGAGGGGGGCGCATGTTCCGAATCGGAACG
GGCGGGTGGATGGTTTATAGTGGAAGCCATTGTAGATAGGCGGACAGGCGATCCAATATC
TAGTGATGATGATGAGGAGGAGGACGAAGCAGGGGAAGACTTTGTAGACTTTATAGATGA
TACTAGGTGCTAGGGGATGGACAGGAAGTGGCACAGGAAGTGTTCAGCAGCAGACAGC
TGCAGATGACGATGTAGCTGTGCAGACTGTAAAACGAAAGTTTGCACCCAGTCCTTATTT
CAGCCCCGTGTGTGAGCAAGCCAGCATAGAACATGAACTAAGCCCAAGGCTAGACGCCAT
AAAGCTGGGGAGACAGTCAGCAAAAGGCCAAACGTCGGCTGTTTGTAGCTACCGGACAGTGG
CTATGGCCAAAACACAGGTGGATACGGAATCGGGACCAAACAGGTACAGGGCAGTAGTGA
AACGCAAGATGGCCGACAGGATGATGATGAGGGGAGTGTGGTACAGAGCACACTTGACAC
AGGCAACCAAAATGGCCGCCAGAACAATGATGAGGGGAGTGGGAGGAATGTGGGGGAACA
TGGCAGCCAAGAGGAGGAGCGTGCAGGAGGGGATGGGGAGGAATCTGACTTACAAAGTAC
AAGCACTGGCAAGGGAGCAGGTGGCGTGGTAGAAATATTAAGAGCCAGCAATAAGAAAGC
AACTCTACTGGGTAAGTTTAAAGAACAGTTTGGGTTGGGGTATAACGAACTAATTAGGCA
CTTTAAAAGTGATAGAACATCGTGTGCCGACTGGGTGGTGTGTGTGTTCGGGGTGTTTTG
CACAGTGGCAGAGGGCATAAAGACCCTAATACAACCATTGTGTGATTATGCACACATACA
AGTGCTACCATGCCAATGGGGAATGACAGTGCTTATGCTGGTACGGTACAAACGTGCCAA
AAACAGGGAAACAGTGGCTAAAGGCTTAAGCACATTATTAAATGTACCGGAAAGCCAGAT
GTTAATTTGAACCACCAAAATACGAAGTGGTCCAGCAGCGTTGTATTGGTACAAGACTAG
TATGTCCAGCTGTAGCGAGCTGTATGGGGAAACACCAGAGTGGATAGTCAGGCAGACAAT
GGTGGGACATGCAATGGAGGATGCGCAGTTTAGCCTTTCAGAGATGGTGCAGTGGGCATA
TGACCATGATATTACAGACGAGAGCACGCTGGCATAACGAGTATGCACTGATTGCTGACAC
AGATTCAAAATGCAGCTGCGTTTTCTAAGTAGCAATTGTGAGGCTAAATATCTAAAGGATGC
ATGCACAATGTGCAGACATTATAAAAGAGGAGAACAGGCGCGCATGAGCATGTCAGAATG
GATATGGTTTAGAGGCGACAAAGTACAGGGAGATGGAGATTGGAAACCAATAGTTCAATT
TTTAAGATATCAGGATGTTGAATTTATCCCATTCCCTATGTGCCTTTAAAACATTCCCTACA
AGGAGTACCAAAAAAAGTTGTTTAGTGTTTATGGACCAGCAGACACTGGCAAATCATA
CTTTTGTATGAGCTTACTTAGATTTTTGGGGGGGGCTGTTATATCCTATGCTAACTCAAG
CAGCCATTTTTGGTTGCAGCCATTATCTGAAGCCAAAATAGGACTGTTAGATGATGCAAC
TAGTCAGTGTTGGAATATATTGACACTTATTTAAGAAATGCCTTAGATGGCAACCAAT
ATGTGTAGACAGAAAGCATAGAGCATTGTTACAGCTAAAATGCCCTCCACTATTAATAAC
AACAAATATAAATCCATTGACGGATGAAAGATGGAAGTTTTTGGCGAGCAGATTGCAGCT
CTTCACATTTAAAAACCCTTTTCCAGTGACAACACAAGGAGAACCAATGTATACATTAAA
TGATCAAAATTTGGAATGCTTTTTTTCGAAGGTTATGGGCACGTTTAAGCCTTACCGATCC
TGAAGACGAGGAGGAGCATGGAAACCCTAGCGAACCCTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAA
TGCTAGAACTATATGAAAAGGATAGCGACAAACTTGAGGACCAGATCACGCATTGGCACT
TATTGCGTGTAGAAAATGCTTTGCTGTACAAAGCAAGAGAATGTGGACTGACACATATTG
GCCATCAGGTGGTGCCACCTCTTAGTGTAACATAAGCCAAGGCACGCAATGCCATTGAAG
TGCATGTAGCTTTACAGCAATTGCAAGAAAAGTGCCTATGCACACGAACCCCTGGACATTGC
GGGACACATCACGTGAAATGTGGGACACTGCTCCTAAAGGGTGCTGGAAAAAAGGGGGA
TAACTGTTGAAGTCAGATATGATGGAGACGAATCTAAAGCCATGTGCTATGTACAATGGA
GGGAACCTTTATGTGCAGAACTATAGTGACGATAGATGGGTGAAGGTGCCAGGAAAAGTCT
CATACGAGGGTCTATATTATACACATGAAAATATGAACATATATTATGTGAATTTCAAGG
ATGACGCTTGTGTATATGGGGAAACAGGC AAAATGGGAGGTACATGTGGGAGGCAAAGTAA
TTCACCATGATGCATTTGACCCTGTATCTAGCACACGAGAAATATCCACTCCTGGACCTG
TGTGCACCAAGTAACACCACCCAGCGTCCACCCAAGCCCAGGTGGGCGCGTCCGAGGGAC
CGGAACAAAAGCGACAGCGACTCGAGGCGGTTCGACGGACAGCAGCAGCAGCGACAAG
GGTCCCAAGATTCCACCCAGAAGGCCGGAACGAGCGGGTGGACAAGTGGACAGTGACA
GGACCCGGTGTGTGACACTAGAAGTGCACACCCCGTCCGGCACCCAAGTGACCCTGACT
GTGCACCTGTAATACACCTACGAGGTGATCCTAACAGTTTAAAATGCTTTAGATATAGAT
TACACCACGGAAAAAAGGAAACTATACTCACGGTCATCCTCCACATGGAGGTGGTCTTGTG
AGTCAGAAAAACCAGGCAGCGTTTTGTAACGCTTTGGGTATACCAGCGATACACAGCGTACTG
AATTTCTTAATGTTGTAAAGGTTCCCCCTGGCATACAAGTGATTTTGGGGTATATGTCAA
TATTCTAATATGTCAGATATTTCTATACATATATAGATCTATAGGGTGATTGTACATTCT

GGATTTTTACTTGTGTCGACTACATTGCTGGGCTTTTTTTGTGCTGCTGCTGTGTTTGT
TTGGCTGTGTGTGCTTCCCGCGCTGACGTGCTATCTGGCATTGTGTGCTTGTGTGTACTT
GGGCCTTATAGCATTATATTTACAAATTGTGACACGTATTGTACAGGTCAACACATAGGT
CTCACAATGTATCCTCTTATATTAAGAGATCACACTGGTGACCATCCTGTATTGTTGTTT
GAGCCGGGGGACGTGTATTTACTACTGTGTGTAATCATTTTTTGTATAATAGCACTGTTT
GTGTTATATAGACATCTTGGTGTATTGTAACATAATATGTGGTAGCCTGTACGGATCCCA
CATAGGGGGTGTATATCATATGTTGTTGTTGTGTGTACCCTAGTGTGCTATTGTGGCAC
CATTCTTTTTCTATTTTTGTTTTTTTTTTTACAGTTAAATAAAGCAACCATGGTGGCACA
ACGTGCAAGGCGTCGCAAGCGTGACATCCGCCACACAGCTTTATAGGACCTGCAAGGCCTC
AGGCACATGCCCCCAGATGTTATTTCCCAAAGTAGAGGGCACCACCTTGGCAGATCGCAT
TTTGCAGTGGGGTAGCCTTGGTGTATATTTGGGGGGCCTAGGCATTGGAACGGGTCTGG
TACTGGGGGTCGCACGGGGTATGTTCCATCAGTACACGACCTGGCACTGTTGTGGATGT
TAGTGTTCTGCCAGGCCTCCTGTTGTTATTGAGCCTGTAGGCCCCGTAGATCCTTCCAT
TGTAATTTGTTGGAGGACTCCAGCATTATTAATTCAGGGTCCACCATACCTACATTTTC
TGGTACTAGTGGCTTTGAAGTTACATCCTCTGCCACAACCACCCAGCTGTGTTGGACAT
CACACCTGCCAGTGAGAATGTGGTTATTAGTAGTACAACTTTACAAATCCTGCATTAC
AGAGCCGTCCCTTGTAGAAGTTCACAGAGTGGTGAGGTTTCGGGACACATACTTATAAG
CACACCTACAGCTGGCACCCATGGATATGAGGAAATACCCATGGACACGTTTGCTTCTTC
GGGTACTGGCAGGAAACCGTAACAGCAGTACCCCTGTGCCTGGTGTGTCAGTAGAATAGCAGG
CCCACGCTTATATAGCAGGGCTAACACACAGTCAAGGTGTCCGATCCTGCATTTCTGTC
ACGTCCCTTCTCCTTGTAAACATTTGACAATCCTGTGTTTGAACCGGAGGATGAAACAAT
CATATTCGAACGTCCGTACTCTCCCTCACGGGTGCCGGACCCTGATTTCTTGACATTGT
GCGTCTGCATCGCCCTGCATTAACATCTCGCAGGGGTACTGTACGTTTCAGCCGCCTGGG
TCAAAAGTTCAGCATGCGCACACGAGTGGCAAGGGTATTGGAGCCCGGGTACATTACTA
TCAGGACCTTAGCCCTATAGCCCCAATCGAGGACATTGAAATGGAACCTTTACTTGCTCC
AGCTGCCTCTGACACTATTTATGACATTTTTGCTGATGTTGATGATGGTGATGTTGCTTT
TACAGAGGGATATCGTAGTACCACACAGTCCAGGGGATATAATACCACTTCCCCTTTGTC
TTCTACACTTTCACCTAAGTATGGAAATGTAACAATTCCTTTGTGTCTCCTGTTGATGT
AACTTTACATACTGGGCCTGATATTGTACTACCTACTTCAGCACAGTGGCCATATGTGCC
CCTGTACCTGCTGACACCACCCATTATGTGTACATAGATGGCGGGGATTTCTATCTTTG
GCCTGTTACCTTTCACTTCTCCCGACATCGTCGCCGTAAACGTGTCTCATATTTTTTTGC
AGATGGCACTCTGGCGCTCTAGTGACAACCTGGTGTACCTGCCTCCCACTCCCGTGTCTA
AAGTTCTCAGCACGGACGACTATGTGACACGCACCAACATTTACTATTATGCAGGCACTT
CACGGTTGCTTACTGTAGGCCATCCATATTTTCCCTATACCTAAGTCAAGTAACAATAAGG
TAGATGTCCCCAAGGTATCTGCATTTCAATATAGGGTGTTCGGGTGCGGTTGCCTGACC
CTAATAAGTTTGGACTGCCTGACGCCCCGATATATAACCCTGACGCCGAGCGACTGGTCT
GGGCTTGTACTGGGGTTGAGGTAGGTCTGTGGACAGCCACTGGGTGTGGGGCTCAGTGGAC
ACCCTCTATATAATAAGCTAGAGGACACAGAAAACCTCTAATATAGCACATGGGCCAATTG
GTCAGGATTCACGGGACAATATTTCTGTTGATAATAAGCAAACACAGCTATGTATTATTG
GTTGTACACCTCCAATGGGAGAGCATTGGGGCAAGGGAACCCCGTGCAGGAACCCACCTG
CACAGGGCGATTGCCCTCCCCTGGAGCTTATAACTTCCCCTATTACAGGATGGTGATATGG
TGGACACTGGCTATGGGGCCATGGACTTTACTGCTTTACAATTAATAAGTCTGACGTGC
CTATAGATATTTGCCAATCTACTTGTAAATATCCAGATTATTTGGGAATGGCCGCGGAGC
CTTATGGCGACAGCATGTTCTTTTACTTGCGCAGGGAACAACCTGTTTGCAAGACATTTCT
TTAATCGGGCTAGTGCTGTTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAACG
GTGGGGGGCGAGACGTTGGTAGTGCTGTGTATAGCCCCACACCCAGTGGGTCCATGGTAA
CGTCTGAGGCTCAATTGTTTAATAAGCCATATTGGCTGCGGCGGGCCAGGGGCACAACA
ATGGTATATGCTGGGCTAACCAATTGTTTGTACTGTGGTAGACACGACTCGCAGTACCA
ATATGTGCTTGTGTGTTCTTCTGAGGCCCTCCCCTGCCACTACGTATGACGCCACCAAT
TTAAAGAATATTTGAGGCACGGAGAGGAATGATTTGCAGTTCATTTTTTCAGTTGTGTA
AGGTAACATTGACCCCGGATATTATGGCCTATTTGCACACCATGAATAGTAGTTTATTGG
AGGATTGGAACTTTGGGTTAACTTTGCCACCGTCCACTAGCTTGGAGGACACATATAGAT
TTTTGTCTCTTTCAGCCATTACTTGTGCAAAAGATACACCCCCACCGAGAAGCAGGATC
CCTATGCAAAACTTAACTTTTGGGACGTAGATCTTAAGGATAGGTTTTCCCTGGACCTGT
CTCAGTTTCCCCTGGGACGAAAATTTTTGCTGCAGCTGGGTGTACGTTCTCGCTCCGCCG

TCTCCGTCCGCAAACGCCCCGGCGACTTCCGCGACAGGATCCACGGCTGCAAAAAGAAAA
GAACTAAGAAATAACTGCATGTTTGTGTAAATGTATGTGCATATTTGTGTATGTGGTTG
GCTGTTAATAGGTGTTTGTAAATGTCTATGTATGTGTGTATGTATGTAATGTGTTTGTATG
TTATGAGCATGTATGTGTGTATGTGTAAATAAAGTTTGTACATAGTTTATATTTTTTTA
ATTTGTGTAATTGCTGTTCTGTGAGTAAGTAAGGTTGTTCTAGGTCAGGAGACCGATTT
CGGTACAAGATGGCCGCCCTTTCCAGGTGTGCACACCACCAATTAGTCATGCTGATCTATA
TCCTGCGACCTGCCCTGTACGCCATTTTTTTGGCTAAGATTGTATAGTTTCTATAGTTT
AGTTTATTGCTGTATCATGCTTTCTGGCACGGCAAACGTCTCCATTGCAAATTTAACAG
CTTCTGGGCACCAACTTATTATGACTACTTTCACATAATTACTGTTCTGGCTGCGTTTTT
TAGGTTGCCCTTGCCAATAAAATGTGCTTCCAAATCTCCACCAAGACACACCTAATCCGGT
CGCTGCTTGCTTTCTAGCTTTAATTAATGCAGTTGCTACACGTCTCTTTCTAACTATAA
>gi|9627145|ref|NC_001531.1|_Human_papillomavirus_-5,_complete_genome
AACGGTAAGTTGCAATTTCTTGTACCAGGTGCGGTATTGGGATTTACAAATTATAATGG
TTGTTGCCAACTACCATAGGCATATTCAAGTTTTTGCCTGTATCGTTTTCGTATCCTGTA
ATAATATCCAATATATGTATACATAAAATAAATATATATATATAAAGTGCTAAGATTGG
GTTCTTCTGTAATCAGGCAATGGCTGAGGGAGCCGAACACCAACAGAACTGACAGAAAA
AGATAAGGCAGAATTACCTTTAAGTATTAGAGACTTAGCTGAAGCCTTAGGCATCCCTGT
GATTGATTGTTAATACCTTGCAATTTCTGTGGCAACTTTCTAAATTATTGGAAGCTTG
TGAATTCGACTACAAAAGGCTTAGTCTAATTTGGAAAGATTATTGTGTGTTGCGTGCTG
TCGCGTATGCTGTGGCGCCACTGCAACTTATGAATTTAACCAATTTTATGAGCAGACAGT
GTTAGGAAGAGATATTGAATTAGCTTCAGGACTTTCAATATTTGATATTGATATCAGGTG
TCAAACCTTGCTTAGCATTTCTTGACATTATAGAAAAGTTAGATTGCTGTGGCAGAGGCCT
TCCCTTTTCATAAGGTGAGGAACGCCTGGAAGGGAATCTGTAGGCAGTGTAAGCATTTTTA
TCATGATTGGTAAAGAGGTACCCGTGCAAGATATTATTCTGGAGCTCAGTGAGGTGCAGC
CCGAAGTGCTACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAGCAGGAAACGG
AGGAGGAGCCTGACAACGAAAGGATCTCTTACAAAGTTATAGCTCCGTGCGGTTGCAGGA
ACTGTGAGGTCAAGCTTCGCATTTTTGTCCACGCCACAGAATTTGGTATTAGAGCTTTCC
AACAGCTACTGACCGGAGATCTGCAGCTCCTGTGCCCTGACTGTGCGGAACTGCAAAC
ATGACGGATCCTAATTTCTAAAGGTAGTACATCTAAAGAAGGGTTTGGTGATTGGTGTTTA
TTGGAAGCTGACTGTAGTGATGTAGAAAATGATTTGGGACAATTATTTGAGAGAGATACA
GACTCTGATATATCGGATTTGTTAGATGATACTGAAGTGGAGCAGGGCAATTCCTGGAA
CTATTTTCATCAACAGGAGTGTGAGCAGAGCGAGGAGCAATTGCAAAAACATAAACGAAAG
TATCTTAGTCCAAAAGCTGTGCGACAGCTTAGTCCGCGACTTGAGTCAATTTCAATTGTCA
CCCCAGCAGAAGTCTAAGCGAAGGCTCTTTGCAGAGCAGGACAGCGGACTCGAGCTGACT
TTAAACAATGAAGCTGAAGATGTTACTCCTGAGGTGGAGGTACCGGCTATTGACTCTCGG
CCGGATGACGAGGGAGGTTTCAGGGGACGTAGATATACATTACACTGCATTGTTGCGTTCT
AGCAACAAAAAAGCTACATTAATGGCTAAGTTTAAAGAGTCGTTTGGAGTAGGTTTTAAT
GAATTGACACGGCAATTCAAAAGCCACAAAACCTGCTGTAAGGACTGGGTTGTCTCTGTA
TATGCAGTGCATGATGATCTATTTGAAAAGCTCAAAGCAGCTATTGCAACAGCATTGTGAC
TATATCTGGGTCCGTGGGATAGGTGCAATGTCATTATACCTATTGTGTTTTAAGGCGGGA
AAAAATCGCGGGACAGTTTCATAAGTTAATTACCTCAATGTTAAATGTGCATGAACAGCAA
ATATTGTCTGAGCCGCCAAAATTGAGAAATACAGCCGCTGCATTGTTCTGGTATAAGGGT
TGTATGGGATCGGGGGCGTTTAGCCATGGACCATATCCTGATTGGATTGCCCAACAACT
ATATTAGGTCACAAAAGTGCTGAGGCAAGTACTTTTGATTTTTTCAGCAATGGTCCAATGG
GCATTTTCATAATCACTTATTAGACGAAGCAGATATAGCATAACAGTATGCAAGGCTTGCT
CCCGAAGACGCGAATGCAGTAGCTTGCTTGACACATAACAACCAGGCCAAATTTGTGAGA
GAATGTGCATATATGGTACGATTTTATAAGAAGGGACAAATGAGAGACATGAGTATATCT
GAATGGATATACACTAAAATCAATGAAGTAGAAGGGGAAGGGCACTGGTCAGATATAGTA
AAGTTTATTAGTATACCAAAAATAAACTTTATTGTATTCTAAGTCAATTTAAAGAATTCT
CTACACTCAGTGCCAAAAAAATTTGCATTTTAAATTTATGGTCCCTCCAAATTTGGAAAG
TCATCATTTGCAATGTCATTAATAAGAGTGTTGAAGGGTAGAGTGTTGTCATTTGTAAAT
TCTAAAAGTCAGTTTTTGGCTGCAACCCCTTTTCAGAGTGCAAGATAGCTCTATTGGATGAT
GTAACAGACCCCTTGTTGGATATACATGGATACATATTTAAGAAATGGCTTGGATGGACAT
TATGTTTTCATTAGATTGTAAATATAGAGCCCCAACGCAAATGAAATTTCCCCCATTTATTA
TTAACATCTAACATTAATGTGCATGGGGAACTAATTATAGATATTTACACACTACAATA

AAAGGATTTGAATTTCCAAATCCTTTTCTATGAAAGCAGATAATACACCTCAGTTCGAA
CTAACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTACAAGGCTTTGGACACAATTAGACCTGAGT
GATCAAGAAGAGGAGGGCGAGGATGGAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGCTCTGCAAGA
TCAGCTAATGAACATTTATGAAGCTGCAGAACAAACATTGCAGGCACAAATTAAACATTG
GCAAACCTTACGAAAAGAACCTGTATTACTCTACTATGCTAGGGAGAAAGGTGTTACAAG
GCTTGGATATCAACCTGTGCCTGTAAAGGCAGTATCAGAAACAAAGGCTAAAGAAGCCAT
AGCAATGGTGCTGCAGCTTGAGTCACTACAGACATCTGATTTTGCTCATGAGCCATGGAC
TCTAGTTGATACCAGCATAGAAACATTTAGAAAGCGCTCCAGAAGGTCACTTCAAAAAAGG
CCCCCTCCCTGTAGAAGTTATTTATGACAAATGATCCAGATAATGCCAATTTGTATACAAT
GTGGACCTATGTGTATTATATGGATGCGGATGATAAGTGGCATAAAGGCAAGAAGTGGGGT
GAATCACATTGGCATTATTATTTACAAGGAACTTTTAAAACTATTATGTACTGTTTGC
TGACGATGCGAAAAGATATGGTACAACCTGGAGAATGGGAAGTAAAAGTTAATAAGGAAAC
TGTGTTTGCTCCTGTCACCAGCTCCACGCCCTCCAGGGTCGCCAGGAGGACAAGCAGACAC
AAACACCACCCCCGCGACCCCCACCACCTCCACAACCGCCGTTGACTCCACGTCCAGACA
GCTCACCACATCAAAACAGCCACAACAAACCGAAACCAGAGGAAGAAGGTACGGACGGAG
GCCCTCCAGCAAGTCAAGGAGATCGCAAACGCAGCAAAGGCGATCAAGGTCCCGACACCG
GTCCCGGTCTCGGTCCCGGTGCGGGTCCAAGTCCCAAACCCACACCACTCGGTCCACCAC
CAGGTCCCGGTCCACGTGCTCACCAGACTCGGGCCCTTACAAGCAGATCGCGATCCAG
AGGAAGGTCCCCAACCCCTGCAGAAAGGGAGGTGGAAGGTCAACCAGGCGGCGATCAAG
GTCACCTCCACCTCCTCCTCCTGCAGACACAAACGGTCAAGCGGGCACGAGCCGAAAG
TTCAACAACAGAGGGGGCCGAGGGTCCAGAGGGTCAAGAGGAGGGAGCCGTGGGGGGAG
AGGGCGGCGACGAGGAAGGTATCCTCCTCCTCCTCCCCGCCCACAAACGGTCAAGAGG
GGGGTCTGCTAAGCTCCGTGGCGTCTCTCCTGGTGAAGTGGGAGGGTCACTTCGATCAGT
TAGTTCAAAGCATAACAGGACGACTTGGAAGATTACTGGAAGAAGCTCGCGACCCCCCAGT
AATCATTGTCAAAGGGGCGGCTAACACACTGAAAAATGTCCGCAACAGAGCTAAAATTAA
ATACATGGGACTGTTTAGGTCATTTAGTACTACCTGGTCAATGGGTGGCAGGAGATGGCAC
TGAGCGTCTAGGCAGGCCAGAATGCTCATTAGCTTTTCTTCTATACTCAAAGGAGAGA
TTTTGATGAAGCGGTGCGATACCCCAAAGGAGTTGATAAGGCCTATGGCAACCTGGACAG
TCTTTAACATTTACTAATGCTGCTTTTGCTACTAACATACTAACATAACCTAGCATTTTA
TATTTTTTTTTTACATTTTGTATTTGCTATGGCGCGTGCAAAAACGGTCAAGCGAGACTCT
GTAACTCATATTTACCAAACCTGCAAACAGGCAGGCACCTGCCCCCTGATGTTATTAAT
AAAGTGGAAACAAACAACAGTTGCTGACAATATTTTAAAATATGGCAGTGCTGGTGTATTT
TTTGGTGGCCTTGGTATTAGTACAGGCCGAGGAACCTGGGGGTGCTACAGGGTACGTGCCA
CTTGGGGAAGGTCTGGTGTCCGTGTCGGAGGAACCCCCACGGTTGTAAGGCCTTCCTTG
GTTCTGAAACAATCGGGCCCGTTGATATTTTGCCATTGATACAGTTAACCCCGTGGAA
CCTACAGCATCATCCGTGGTCCCTCTAACTGAGTCCACAGGCGCTGATTTACTTCCAGGT
GAAGTAGAAACAATTGCTGAAATCCATCCTGTACCTGAGGGGCCATCAGTGGATACCCCT
GTAGTTACCACTAGCACAGGTTCCAGTGCTGTTTTAGAGGTTGCCCCAGAGCCTATTCCT
CCAACACGGGTCAGGGTTTCACGCACACAGTATCACAATCCATCTTTTCAAATAATAACT
GAGTCTACTCCAGCACAAAGGGGAATCGTCTCTTGACAGATCACGTTTTGGTGACATCGGGT
TCTGGGGGGCAACGAATAGGGGGTGATATAACTGACATAATTGAGTTAGAGGAAATTCCT
AGTAGGTATACATTTGAAATTGAAGAACCAACTCCTCCACGCCGACAGTACTCCATTG
CCACGCAATCAATCTGTAGGCCGTAGGAGGGGTTTCTCTTTGACTAATAGACGTTTAGTA
CAGCAGGTACAAGTGGACAATCCATTGTTTCTAACTCAACCATCTAAGTTAGTTCGTTTT
GCATTTGATAATCCTGTTTTTGAGGAAGAAGTGACTAATATATTTGAAAATGATCTGGAT
GTCTTTGAAGAACCCTCCAGACAGAGATTTTCTTGATGTTAGGGAATTGGGACGTCCACAA
TATTCTACAACACCAGCGGGATATGTTAGAGTAAGCAGGTTGGGGACTCGAGCCACTATT
CGCACTCGCTCTGGTGCACAGATAGGGTCGCAAGTCCATTTTTTACAGAGATCTTAGCTCT
ATTAATACTGAAGATCCTATTGAATTACAATTATTAGGCCAACATTCAGGTGATGCTACT
ATAGTCCACGGACCTGTTGAAGCACATTTATAGATATGGATATTTCTGAAAATCCATTA
TCTGAAAGCATTGAAGCATATTCACATGATTTATTATTAGATGAAACGGTGGAAGATTTT
AGTGGGTCTCAGCTGGTTATAGGTAATCGAAGGAGCACAACTCTTACACTGTTCCTAGG
TTTGAAAATACAAGAAATGGTTCATACTATACACAAGACACAAAGGGATATTATGTTGCA
TATCCAGAGTCACGTAATAATGCAGAAATCATTTATCCTACACCTGATATTCCTGTAGTC
ATTATACACCCCTCATGACAGTACAGGGGACTTTTTATTACATCCCAGTCTTCACAGGCGC

AAACGTAAAAGAAAATATTTGTGATTTGCATTCGAGATGGCAGTGTGGCACTCGGCTAAT
GGTAAAGTATATCTTCCACCATCGACACCGGTGGCCAGAGTCCAAAGCACCGATGAATAC
ATTCAAAGAACAAATATCTACTATCATGCATTTAGTGACAGATTGTTAACTGTAGGTCAT
CCTTATTTCAATGTATACAATATTAATGGTGATAAGCTTGAGGTTCCCTAAGGTTTCAGGA
AATCAACACAGAGTATTTTCGCCTAAAATTACCAGATCCTAACAGATTTGCATTACCTGAT
ATGTCTGTTTACAACCCTGACAAAGAACGTTTGGTTTGGGCCTGTAGAGGCTTAGAAATA
GGTAGGGGCCAGCCATTAGGTGTACGGAGTACTGGTCACCCTTATTTCAATAAAGTAAAA
GATACAGAAAAACAGTAATGCATACATAACATTTTTCTAAAGATGACAGACAGGATACATCT
TTTGATCCTAAACAGATCCAAATGTTTATTGTAGGATGCACACCTTGCATAGGAGAGCAT
TGGGATAAAAGCTGTTCCATGTGCAGAAAAATGATCAGCAAACCTGGCCTTTGTCTCCTATT
GAACTAAAAAACACATATATACAAGATGGTGATATGGCAGACATAGGTTTTGGGAACATG
AATTTTAAGGCACCTCAAGATAGTAGATCAGATGTCAGTTTAGACATCGTCAATGAAACT
TGCAAGTATCCAGATTTTTTAAAGATGCAAAACGATATTTATGGCGATGCGTGCTTTTTT
TATGCTCGTAGGGAGCAATGTTATGCCAGACACTTTTTTGTAGAGGGGGAAAAACTGGT
GATGACATTCACGTGCACAAATTGACAATGGTACATACAAAAATCAGTTTTACATTCCA
GGGGCTGATGGCCAAGCTCAAAGACTATAGGAAATTCATGTATTTCCCAACTGTTAGT
GGCTCATTAGTATCCAGTGATGCTCAATTGTTTAAACAGGCCCTTCTGGCTCCAAAGAGCC
CAAGGTCATAATAATGGCATCCTGTGGGCTAATCAAATGTTTATCACAGTGTTGACAAC
ACAAGAAATACTAATTTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTT
GCAGATAATAATGCAGATCAATTTAGAGAATATCAAAGACATGTAGAAGAATATGAAATA
TCTTTAATTTCTACAACCTCTGTAAGGTTCCTTTAAAGGCACAGGTATTGGCACAGATCAAT
GCAATGAACCTCTTCGTTATTGGAGGATTGGCAGTTAGGATTTGTTCCCACTCCTGATAAT
CCAATTCAGGACACCTACAGATATATTGACTCTTTGGCTACACGGTGTCCAGATAAGAAT
CCTCCGAAAAGAAAAGGAAGACCCCTTATAAGGGCTTACATTTTTTGGGATGTAGATTTAACT
GAAAGATTGTCATTAGATTTAGATCAATATTCCTTAGGCAGAAAAATTTTTATTCCAAGCT
GGGTTACAACAAACGACCGTTAACGGTACAAAAGCAGTGTCTTATAAAGGGTCTAATAGA
GGAACAAAACGCAAACGTAAAAATTGAGGTCTGACCGAAAGTGGTACATTTTTTATAAACT
TTTACACAGTATTCAAGGAATGTTTGTACTCTGACTAAGTATAAGTCTTCCAAGGATA
CCGACCGCACCCGGTACACTCAGTCAAGTTGTTGCCAATATAGAATCAGATCAGTGCCAA
ACACACCGTCTTGGACTCAGAACAGACCGTGTTCGTTATAACATGCTCGGATTAGGGACC
TCCCCAAAGAAGATTTAATCTACAATCGCTTTTGGCAATCGCATTTGGCACTGCTAAAAG
ACCGTT

>gi|9626597|ref|NC_001457.1|_HumanPapillomavirus_type_4,_complete_genome

GTCTGTAATGATAGTTGGCAACAATCATTACTTATAGCTATATATAACCGGAAGAGATAC
ATATAAAAAGGGACAGTGCATTTCTACTAAATCCTGTCCAGATGGCAGATGGCAGACCTG
CAACCTTGACGACTTCTGCAGACGATTCGACATTTCCCTTTTTTGATTTGCGCCTTACTT
GTATTTTTTTGTTCTCATACTGTGATCTTGCGGATCTTGCTTTATTCTATCTTAAGAAAC
TTAGTTTAGTATTTAGAGGAAATTGTTATTATGCATGTTGTTCTGAATGCTTAAGATTAA
GTGCACTGTTTGAACAAGAGAATTATTTTCAATGTTCTATTAAAGCTGTACATTTGGAGG
AAATTGCTCAGAAAAAGATTAAAGGAAATTTGCATTAGATGCATTTGCTGCCTTAGATTAC
TTGATATTGTTGAGAAATTAGATTTATTATACTCTGACGAGACTTGCTATTTAATAAGGG
GTTTGTGGAGGGGCTATTGCAGAAATTGTATTAGGAAACAATGAGAGGAGCAGCGCCAC
GGTTGCAGATCTTAATTTAGAACTAAATGACTTAGTGTTACCAGCAAACCTGCTGAGTGA
GGAGGTCTTGCAATCTTCAGATGATGAGTATGAGATTACAGAGGAGGAGTCGGTGGTTCC
ATTTAGAATAGACACCTGTTGCTATAGATGTGAAGTTGCTGTAAGAATTACATTGTATGC
TGCTGAGCTCGGACTACGGACCTTGGAACAACCTTCTGTAGAAGGAAAGCTGACGTTTTG
CTGCACCGCTTGTGCAAGAAGTCTTAACAGAAATGGCAGATAAAGGTACAGACAATTTTG
ACTTAGAAGGGAATAATTGGTATATTGTCCATGAAGCAGAATGCACTGACAGTATAGATA
CGTTGGATGATTTATGCGACGAAAGTAATGACGATTCAAACATTTCTAACTTAATTGATG
ACGATGTTCGTTGATCAGGGGAATTCCTTGCCTGTACAATGCACAAATAAATGAGGATT
GTGACAATGCACCTAGCACACCTAAAACGAAAGTATAACAAAAGTCCAGAGCAGGCAGTCG
CTGAATTGAGTCCGCAGTTGCAGGCTGTGAAAATAACTCCTGAAAAGACACAGCAAAGGA
GATTATTTTCAAGGACAGTGGGATTTTTCGAAGATGAAGCTGAAAATTCTCTTACACAGGTAG
AATCCGAGAGCCAGGCTGGACCTTCTAGCCAAGATGGCGGCGGAGATATTAATTTGTTGT
TGTTACAAAAGTAGTAACAGGAGGGCAACAATGCTAGCAAAGTTTAAAGAATGGTATGGGG

TCTCATACAATGAAATAACAAGAATTTATAAAAGTGATAAATCTTGTAGTGATAATTGGG
TAATAGTTATTTTTAGAGCTGCTGTTGAAGTATTAGAAAGTTCAAAGATTGTTTTAAAGC
AGCATTGTACATATATTCAAGTTAAGATCTTTGGATTTTCAGCTTTATATTTAGTACAGT
TTAAAAGTGCGAAAAGTAGAGAACTGTACAAAAGTTGATGTGTTCTATATTAAATATCC
AAGAATATCAAATGTTATGTGATCCTCCAAAATTACGAAGTGTACCCACAGCATTATACT
TTTATAAGCATGCTATGTTAACAGAGAGTTCTGTTTTTGGACAAACACCGGATTGGATCG
CAAAACAAACTCTCGTAAGTCATCAAGCAGCACTACTGCAGAGACTTTTGAGTTATCTA
GAATGGTTTCAGTGGGCATACGATAATAATTATGTGGATGAATGTGACATTGCTTATCACT
ATGCAATGTACGCAGAGGAGGATGCAAAATGCTGCTGCTTATTTAAAAAGTAATAATCAAG
TAAAGCATGTACGAGATTGTAGTACAATGGTCAGGATGTATAAAAGATATGAAATGAGAG
ATATGTCAATGTCAGAATGGATTTATAAAATGTTGTGATGAATGTTCTGAAGAAGGAGATT
GGAAGCCAATCTCACAGTTTTTAAAAATATCAAGGTGTTAATATATTATCCTTTCTTATAG
TGCTTAAATCATTTTTTAAAGGTATTCCAAAAAAAACTGTATAGTTATTCATGGTCCAC
CAGATACAGGAAAATCATTATTTTTGTTATCTTTTTATAAAATTTTTTAAAAGGAAAAGTAG
TTTCATATGTAAATAGAAGTAGCCATTTTTGGTTGCAGCCTCTGATGGATTGCAAGGTAG
GATTTATGGATGATGCTACCTATGTGTGCTGGACATATATAGATCAAAATTTAAGGAATG
CATTAGATGGTAATCCAATGTGTATTGACGCTAAACACAGAGCACCACAACAATTAATAAT
TACCACCAATGCTAATAACGTCAAATATTGATATTAACAGGAACAATCTTTAATGTATT
TACACAGTAGAATACAGTGTGTTTAAATTTTCCTAACAAAATGCCTATTTTAGATGATGGTA
GTCCTATGTATACATTTTACTGACGGTACTTGGAATCTTTTTTCCAAAAGCTTGGCAGAC
AATTAGAATTAACAGATCCTGAAGAGGAAAAACAATGGAGTCCCTAGTCGCACGTTTCGAT
GCACCTCAAGAAGCAATTCTGACTCATATTGAGTCACAGGAGAGCACTTTGGAATCCCAA
ATCCAATATTGGGAAAATATCAGAAAAAGAAAATGCTATAATGCATTATGCTCGAAAACAA
GGCCTAACCAAATTAGGTCTACAACCACTTCCTACACTAGCAGTAACTGAATACAATGCA
AAGCAAGCTATTCAGATACATTTAACTTTGCAATCATTGTTAAAAATCTCCCTTTGCATCT
GAACGGTGGACATTGACAGATGTTAGTGCGAAGCTGATAAATACCTCTCCACAAAACGTG
TTAAAAAAGGGAGGTTATGATGTTGCTGTGTGGTTTGATAATGATAGACAGAATGCAATG
CTGTACACAAATTTGGGACTTTTTTATATTATCAAGATATGAATGAACAGTGGCACAAAGTT
AAAGGTGAAGTGGATTATGATGGCTTATACTTTACAGACCATACGGGAGAAAGAGCTTAT
TTTACATTATTTAGCTCTGATGCTCAAAGATTTAGCAGAACTGGACTGTGGACTGTGCAT
TTTTAAACCCAAGTTATTTCTCCCTATTGTTAGCTCTACATACTCCTCCTCCTTCGAC
ACTGAGGAACAACAGTTACCCGGGCCCTCCACCAGCTACTCCGAAGTTACCGAGCAGGCG
AGCCCTACTCGAAGGAGGAAACCGAGGAAATCCGACGCGACCTCCACCACGTCCCCTGAA
ACCGAGGGAGTACGACTACGACGAAGACGACGAGAAGGAAAATCAGGGCCCGGGTCAGGA
GAAACCCCCCGCAAAAGAAGAAGAGGAGGAGGAAGAGGAGGAGAGACCGAATTGGGA
TCTGCACCATCTCCTGCAGAAGTGGGGAGCAGACATCGACAAGTTGAAAGACAAGGTCTG
TCGCGACTTGGACTCTTACAAGCAGAAGCTAGGGATCCGCCTATGATATTGTTAAAGGGC
ACAGCAAATTCCTTGAAATGTTGGAGATATAGAAAAGTTAACTCAAATGCTGCAACTTC
TTATTTCATGAGTACTGTTTGAACTGGGTGAGATTGCTCACATAATCATAGTCGCATG
CTTATTGCATTTGATAGCACTGACCAAGAGACGCTTTTGTAACACAAACCTTTTTCCT
AACTGTGTACATATACCTACGGCTCATTGAATAGTTTATAAAATGCAAAGCTTGAGTAG
AAGGAAAAGAGATTCAGTTCCAAATCTTTATGCAAAATGTCAACTGTCTGGCAATTGCCT
ACCTGATGTAAAAAATAAAGTAGAAGCTGATACTCTTGCTGATCGTTTGCTGAGATGGTT
GGGAAGTGTAATATACCTAGGAGGCTTGGGTATTGGTACTGGGAGAGGTAGTGGGGGGTC
AACTGGGTATAATCCAATTGGAGCTCCAAGTAGAGTCACACCTAGTGGTACTTTAGTAAG
GCCTACAGTGCCTGTGGAAAGTTTGGGACCCTCAGAAATAATCCCAATAGATGCAATAGA
CCCAACAACATCTTCTGTTGTGCCATTAGAGGATCTGACCATCCCAGATGTCACAGTAGA
TAGTGAGAGATACAAGAGGAATAGGGGAGACTACTCTTCAGCCTGCACAAGTAGATATTT
AACATCAGATGACCTATATCAGATGTCAGTGGTGTAGCAGCCACCTACAATCATATC
TGGCGAGGATAACGCCATTGCAAGTGTAGTGTGTCCCCTATAGAACCCTCCACAAAACG
GATAGCATTGGCAACTAGGGGAGCCTCAGCAACTCCACATGTAAGTGTATATCTGGCAC
AACCGAATTCGGTCAAGTCATCTGATCTGAATGTATTTGTGAATGCCACATTTTCAGGCGA
TTCCATTGGTTATACAGAAGAAATTCATTAGAACCGTTGAACCCCTTTCAAGAATTCGA
AATAGAAAAGCCCTCCAAAACTAGTACACCACGTGACGTTTTTAAATCGTGCAATAGGAAG
AGCACGGGATTTATATAATAGAAGGGTTCAGCAAATACCTACTAGGAACCCAGCTTTACT

GACACAGCCTTCCCGCGCAATAGTATTTGGATTTGAAAATCCCGCCTTTGATGCTGACAT
CACTCAAACATTTGAGCGGGATTTAGAACAGGTTGCAGCAGCTCCAGATGCTGACTTTGC
AGACATAGTCACTATAGGGCGTCCAAGGTTTTCAGAGACAGATGCTGGTCAAATTAGAGT
TAGCAGGCTTGGACGCCGAGGCACAATAAAAACTAGAAGTGGTGTGCAAATTGGGCAGGC
GGTTCATTTTATTACGACCTAAGTACAATAGATACTGCTGATGCTATTGAATTATCTAC
TTTAGGTCAACATTCAGGAGAACAAGCATTGTTGATGCTATGATAGAAAGCAGCTTAAT
AGATCCTTTTGAAATGCCCGATCCTACTTTTACAGAAGAACAACAGCTTTTAGATCCACT
TACAGAAGATTTTAGTCAGTCACACTTGGTGCTTACTAGTAGCAGACGTGGGACATCATT
TACTATACCTACAATACCACCTGGATTAGGTCTTAGAATTTATGTAGATGATGTAGGTTT
TGATTTATTTGTTTCCCTATCCAGAATCTAGAGTAATACCTGCTGGAGGTTTACCAACTGA
GCCATTTGTTTCCCTCTAGAACCAGCTTTGTTATCTGATATATTTAGTACGGATTTTGTATA
TCGTCCTAGTTTATATCGCAAGAAACGGAAACGATTAGAAATGTTTAAATTGTTTTGCAG
GAACATGTGCGAGTTGGTTATCTACAACGGGTAAAGTCTACTTACCTCCAGCTCAACCTGT
GGCAAGAGTTTGGAAACTGACGAATATATCACTGGAACATCTCTGTATTTCCACGCTGG
TACAGAAAGGCTTTTAACTGTAGGCCATCCTTATTTTCCAGTGAAAGATGTACAGGAACC
TCACAAAGTATTAGTTCCTAAGGTTTCAGGAAGTCAATTTAGAGTGTTTAGATTCAATTT
GCCAGACCCAAACAGATTTGCTTTAATTGATAATGGCTTTTATGATTCTGATCATGAACG
CCTAGTATGGAACTGAGGGGAATAGAAATAGGAAGAGGAGGACCGCTTGGTATAGGTAC
TACAGGTCATCCTTTATATAAAGTTTGGAGACACAGAAAATCCTAATGGCTACAAAA
GCAATCAGATGATAAATAGACAGGATGTCTTTTAGACCCAAAACACAGATGTTTTAT
TATAGGTTGCACTCCTGCAATAGGTGAACATTTGGGATAAAGCTGAACCTTGTCAGCCC
TGCTCCGCAACAGGGAGATTGCCACCAATAGAGCTTGTAATTCATACATCAAGATGG
AGATATGTGTGACATTGGATTTGGGGCTTTCAATTTTAAAGCTTTGCAGGCTGATAAATC
TAGTGCTCCTTTGGATGTCAATTGCCACAGTTTGTAAATGGCCAGATTTTTTAAAAATGGG
GAAAGATATCTATGGAGATAGCTTGTTTTTCTTTGGAAGAAGAGAACAACCTATATGCCAG
ACATTTCTTTGTGTCAGAGCAGGCACCATGGGAGATGCTCTACCAGAACCTTTTGAAGCTAC
CTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATAT
TTATGTAGGGACCCCTAGTGCTCTTTAGTATCCAGTGAATCCAGTTGTTAATCGACC
GTATTGGTTAAACAGAGCTCAGGGTACAAATAATGGAATTTGTTGGGATAATCAGTTGTT
TGTTACTCTTGTAGATAACACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGG
TGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGTACCTCAGACATATAGA
GGAGTTTGAAATGGAATTTATATTTCACTTTGTAAAGTTCTCTAACTGCAGATGTTAT
GGCTCATTTAAATGTAATGAATCCTAATATTTTGGATAATTGGCAGTTAAATTTTGTTC
ACCACCTCCCTCTGGAATTGAGGATCAATATAGATTTTTTGCAATCTAGAGCTACAAGATG
CCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAGAAGATCCATATAAAGATTTGTCTTTTTGGGT
TGTTGATTTAAGTGAAAGATTTTCCAGTGAATTGAGCCAATTTTCTTAGGCAGGCGGTT
TTTATATCAAAGTGGTTTAATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTC
TCATGCACAACTAATACCAAACGTTCTGCCAAACGAAAACGGTCTCTGAAATAACAATG
TGAACCTTCTGGAATGTTTTATTCTGCCAGGAAAACCTTCAACTGAGCCAAATTATTAT
ATAATCGTTCTTAATCTCAAAATTGAGCTAATTATATAAGATTTGCAAACGTGTATGTAT
CTGTTTTTGTGAACATAGTGAAATAAACTGCCACATACTTGCCAGTGTCCAGTCTCTCT
GAGTCATTTGGTCAACATGCGTCCGCACCCCAATAATTATTTGCATACACAGATCAGTAG
GAGAGGCGCCAAGACGGACATATCCTCTCAAATTTCCCTTAAAATTATTGAATTTAACAA
CTGTAAGCTACAAAAGACCGTTATCGTTTCTCTAACCTTGGGAAAAAGGTGAGTGAAAG
TTTTATTGCACCTTTTGTGAGTCAATTTGTCTGGCGGCGCTGAACGAATTTGGCTGTCAG
CCTTTGCACCGGAGTGGTGAAAAATAGTTTCT

>gi|9626069|ref|NC_001357.1|_HumanPapillomavirus_-18,_complete_genome
ATTAATACTTTTAACAATTGTAGTATATAAAAAAGGGAGTAACCGAAAACGGTCGGGACC
GAAACCGGTGTATATAAAAGATGTGAGAAACACACCACAATACTATGGCGCGCTTTGAGG
ATCCAACACGGCGACCTCAACAGCTACCTGATCTGTGCACGGAACCTGAACACTTCACTGC
AAGACATAGAAATAACCTGTGTATATTGCAAGACAGTATTGGAACCTTACAGAGGTATTTG
AATTTGCATTTAAAGATTTATTTGTGGTGTATAGAGACAGTATACCCCATGCTGCATGCC
ATAAATGTATAGATTTTTATTCTAGAATTAGAGAATTAAGACATTATTCAGACTCTGTGT
ATGGAGACACATTGGAAAACTAACTAACACTGGGTATACAATTTATTAATAAGGTGCC
TGCGGTGCCAGAAACCGTTGAATCCAGCAGAAAACTTAGACACCTTAATGAAAAACGAC

GATTTTCAACAATAGCTGGGCACTATAGAGGCCAGTGCCATTTCGTGCTGCAACCGAGCAC
GACAGGAACGACTCCAACGACGCAGAGAAACACAAGTATAATATTAAGTATGCATGGACC
TAAGGCAACATTGCAAGACATTGTATTGCATTTAGAGCCCCAAAATGAAATTCGGTTGA
CCTTCTATGTCACGAGCAATTAAGCGACTCAGAGGAAGAAAACGATGAAATAGATGGAGT
TAATCATCAACATTTACCAGCCGACGAGCCGAACCACAACGTCACACAATGTTGTGTAT
GTGTTGTAAGTGTGAAGCCAGAATTGAGCTAGTAGTAGAAAGCTCAGCAGACGACCTTCG
AGCATTCCAGCAGCTGTTTCTGAACACCCTGTCCTTTGTGTGTCCGTGGTGTGCATCCCA
GCAGTAAGCAACAATGGCTGATCCAGAAAGGTACAGACGGGGAGGGCACGGGTTGTAACGG
CTGGTTTTTATGTACAAGCTATTGTAGACAAAAAACAGGAGATGTAATATCAGATGACGA
GGACGAAAAATGCAACAGACACAGGGTCGGATATGGTAGATTTTATTGATACACAAGGAAC
ATTTTGTGAACAGGCAGAGCTAGAGACAGCACAGGCATTGTTCCATGCGCAGGAGGTCCA
CAATGATGCACAAGTGTTCATGTTTTAAAAACGAAAGTTTGCAGGAGGCAGCACAGAAAA
CAGTCCATTAGGGGAGCGGCTGGAGGTGGATACAGAGTTAAGTCCACGGTTACAAGAAAT
ATCTTTAAATAGTGGGCAGAAAAAGGCCAAAAAGCGGCTGTTTACAATATCAGATAGTGG
CTATGGCTGTTCTGAAGTGGAAGCAACACAGATTCAGGTAAC TACAAATGGCGAACATGG
CGGCAATGTATGTAGTGGCGGCAGTACGGAGGCTATAGACAACGGGGGCACAGAGGGCAA
CAACAGCAGTGTAGACGGTACAAGTGACAATAGCAATATAGAAAATGTAAATCCACAATG
TACCATAGCACAAATTAAGACTTGTAAAAAGTAAACAATAAACAAGGAGCTATGTTAGC
AGTATTTAAAGACACATATGGGCTATCATTTACAGATTTAGTTAGAAATTTTAAAGTGA
TAAACCCAGTGTACAGATTTGGGTACAGCTATATTTGGAGTAAACCCAACAATAGCAGA
AGGATTTAAACACTAATACAGCCATTTATATTTATATGCCATATTCAATGTCTAGACTG
TAAATGGGGAGTATTAATATTAGCCCTGTTGCGTTACAAATGTGGTAAGAGTAGACTAAC
AGTTGCTAAAGGTTTTAAGTACGTTGTTACACGTACCTGAAACTTGTATGTTAATTCAACC
ACCAAAATTGCGAAGTAGTGTTCAGCACTATATTGGTATAGAACAGGAATATCAAATAT
TAGTGAAGTAATGGGAGACACACCTGAGTGGATACAAAGACTTACTATTATACAACATGG
AATAGATGATAGCAATTTTGATTTGTCAGAAATGGTACAATGGGCATTTGATAATGAGCT
GACAGATGAAAGCGATATGGCATTGTAATATGCCTTATTAGCAGACAGCAACAGCAATGC
AGCTGCCTTTTAAAGCAATTGCCAAGCTAAATATTTAAAGATTGTGCCACAATGTG
CAAACATTATAGGCGAGCCCCAAAACGACAAATGAATATGTCACAGTGGATACGATTTAG
ATGTTCAAAAATAGATGAAGGGGGAGATTGGAGACCAATAGTGCAATTCCTGCGATACCA
ACAAATAGAGTTTATAACATTTTATAGGAGCCTTAAATCATTTTTAAAGGAACCCCCAA
AAAAAATTGTTTAGTATTTTGTGGACCAGCAAATACAGGAAAATCATATTTTGGAAATGAG
TTTTATACACTTTATACAAGGAGCAGTAATATCATTTGTGAATTCCACTAGTCATTTTTG
GTTGGAACCGTTAACAGATACTAAGGTGGCCATGTTAGATGATGCAACGACCACGTGTTG
GACATACTTTGATACCTATATGAGAAATGCGTTAGATGGCAATCCAATAAGTATTGATAG
AAAGCACAAACCATTAATACAACATAAAATGTCCTCCAATACTACTAACCACAAATATACA
TCCAGCAAAGGATAATAGATGGCCATATTTAGAAAGTAGAATAACAGTATTTGAATTTCC
AAATGCATTTCCATTTGATAAAAAATGGCAATCCAGTATATGAAATAAATGACAAAAATTG
GAAATGTTTTTTTGAAGGACATGGTCCAGATTAGATTTGCACGAGGAAGAGGAAGATGC
AGACACCGAAGGAAACCCTTTTCGGAACGTTTAAAGTTGCGTGCAGGACAAAATCATAGACC
ACTATGAAAAATGACAGTAAAGACATAGACAGCCAAATACAGTATTGGCAACTAATACGTT
GGGAAAATGCAATATTCCTTTCAGCAAGGGAACATGGCATAACAGACATTAAACCACCAGG
TGGTGCCAGCCTATAACATTTCAAAAAGTAAAGCACATAAAGCTATTGAACTGCAAATGG
CCCTACAAGGCCTTGCACAAAGTCGATACAAAACCGAGGATTGGACACTGCAAGACACAT
GCGAGGAACATATGGAATACAGAACCTACTCACTGCTTTAAAAAAGGTGGCCAAACAGTAC
AAGTATATTTTGATGGCAACAAAGACAATTGTATGACCTATGTAGCATGGGACAGTGTGT
ATTATATGACTGATGCAGGAACATGGGACAAAACCGCTACCTGTGTAAGTCACAGGGGAT
TGTATTATGTAAAGGAAGGTACAACACGTTTTTATATAGAATTTAAAGTGAATGTGAAA
AATATGGGAACACAGGTACGTGGGAAGTACATTTTGGGAATAATGTAATTGATTGTAATG
ACTCTATGTGTCAGTACCAGTACGACACCGTATCCGCTACTCAGCTTGTAAACAGCTAC
AGCACACCCCTCACCGTATTCCAGCACCGTGTCCGTGGGCACCGCAAAGACCTACGGCC
AGACGTGCGCTGCTACACGACCTGGACACTGTGGACTCGCGGAGAAGCAGCATTGTGGAC
CTGTCAACCCACTTCTCGGTGCAGCTACACCTACAGGCAACAACAAAAAGACGGAACTCT
GTAGTGGTAACACTACGCCTATAATACATTTTAAAGGTGACAGAAACAGTTTAAATGTT
TACGGTACAGATTGCGAAAACATAGCGACCCTATAGAGATATATCATCCACCTGGCATT

GGACAGGTGCAGGCAATGAAAAACAGGAATACTGACTGTAACATACCATAGTGAAACAC
AAAGAACAAAATTTTTAAATACTGTTGCAATTCAGATAGTGTACAAATATTGGTGGGAT
ACATGACAATGTAATACATATGCTGTAGTACCAATATGTTATCACTTATTTTTTTATTTT
GCTTTTGTGTATGCATGTATGTGTGCTGCCATGTCCCGCTTTTGCCATCTGTCTGTATGT
GTGCGTATGCATGGGTATTGGTATTTGTGTATATTGTGGTAATAACGTCCCCTGCCACAG
CATTCACAGTATATGTATTTTGTTTTTTATTGCCCATGTTACTATTGCATATACATGCTA
TATTGTCTTTACAGTAATTGTATAGGTTGTTTTATACAGTGTATTGTACATTGTATATTT
TGTTTTTATACCTTTTTATGCTTTTTTGTATTTTTTGTAAATAAAAGTATGGTATCCCACCGTGC
CGCACGACGCAAACGGGCTTCGGTAACCTGACTTATATAAAACATGTAAACAATCTGGTAC
ATGTCCACCTGATGTTGTTTCTTAAGGTGGAGGGCACCACGTTAGCAGATAAAATATTGCA
ATGGTCAAGCCTTGGTATATTTTTTGGGTGGACTTGGCATAGGTACTGGCAGTGGTACAGG
GGGTGCTACAGGGTACATTCCATTGGGTGGGCGTTCCAATACAGTGGTGGATGTTGGTCC
TACACGTCCCCCAGTGGTTATTGAACCTGTGGGCCCCACAGACCCATCTATTGTTACATT
AATAGAGGACTCCAGTGTGGTTACATCAGGTGCACCTAGGCCTACGTTTACTGGCACGTC
TGGGTTTGATATAACATCTGCGGGTACAACCTACACCTGCGGTTTTGGATATCACACCTTC
GTCTACCTCTGTGTCTATTTCCACAACCAATTTTACCAATCCTGCATTTTCTGATCCGTC
CATTATTGAAGTTCACAAACTGGGGAGGTGGCAGGTAATGTATTTGTTGGTACCCCTAC
ATCTGGAACACATGGGTATGAGGAAATACCTTTACAAACATTTGCTTCTTCTGGTACGGG
GGAGGAACCCATTAGTAGTATACCCATTGCGCTACTGTGCGGCGTGTAGCAGGTCCCCGCCT
TTACAGTAGGGCCTACCAACAAGTGTACGCTAGGCTAACCCCTGAGTTTCTTACACGTCCATC
CTCTTTAATTACATATGACAACCCGGCCTTTGAGCCTGTGGACACTACATTAACATTTGA
TCCTCGTAGTGATTCTCTGATTGAGATTTTATGGATATTATCCGTCTACATAGGCCTGC
TTTAACATCCAGGCGTGGGACTGTTTCGCTTTAGTAGATTAGGTCAACGGGCAACTATGTT
TACCCGCAGCGGTACACAAATAGGTGCTAGGGTTCACTTTTATCATGATATAAGTCCTAT
TGCACCTTCCCCAGAATATATTGAACTGCAGCCTTTAGTATCTGCCACGGAGGACAATGA
CTTGTTTGATATATATGCAGATGACATGGACCCTGCAGTGCCTGTACCATCGCGTTCTAC
TACCTCCTTTGCATTTTTTTAAATATTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTCCTATAGTAA
TGTAACGGTCCCTTTAACCTCCTCTTGGGATGTGCCTGTATACACGGGTCCCTGATATTAC
ATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTTGTATCACCCACGGCCCCCTGCCTCTACACA
GTATATTGGTATACATGGTACACATTATTATTTGTGGCCATTATATTATTTTATTCCTAA
GAAACGTAAACGTGTTCCCTATTTTTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAATA
CCGTATATCTTCCACCTCCTTCTGTGGCAAGAGTTGTAAATACCGATGATTATGTGACTC
CCACAAGCATATTTTTATCATGCTGGCAGCTCTAGATTATTAACCTGTTGGTAATCCATATT
TTAGGGTTCCCTGCAGGTGGTGGCAATAAGCAGGATATTCCCTAAGGTTTCTGCATACCAAT
ATAGAGTATTTAGGGTGCAGTTACCTGACCCAAATAAATTTGGTTTACCTGATACTAGTA
TTTATAATCCTGAAACACAACGTTTAGTGTGGGCTGTGCTGGAGTGGAAATTGGCCGTG
GTCAGCCTTTAGGTGTTGGCCTTAGTGGGCATCCATTTTATAATAAATTAGATGACACTG
AAAGTTCCCATGCGGCCACGTCTAATGTTTCTGAGGACGTTAGGGACAATGTGTCTGTAG
ATTATAAGCAGACACAGTTATGTATTTTGGGCTGTGCCCCTGCTATTGGGGAACACTGGG
CTAAAGGCACTGCTTGTAAATCGCGTCCTTTATCACAGGGCGATTGCCCCCTTTAGAAC
TTAAAAACACAGTTTTTGAAGATGGTGATATGGTAGATACTGGATATGGTGCCATGGACT
TTAGTACATTGCAAGATACTAAATGTGAGGTACCATTTGGATATTTGTCAGTCTATTTGTA
AATATCCTGATTATTTACAAATGTCTGCAGATCCTTATGGGGATTCCATGTTTTTTTTGCT
TACGGCGTGAGCAGCTTTTTTGCTAGGCATTTTTGGAATAGAGCAGGTACTATGGGTGACA
CTGTGCCTCAATCCTTATATATTAAAGGCACAGGTATGCCTGCTTCACCTGGCAGCTGTG
TGTATTCTCCCTCTCCAAGTGGCTCTATTGTTACCTCTGACTCCCAGTTGTTTAATAAAC
CATATTGGTTACATAAGGCACAGGGTCATAACAATGGTGTGTTGCTGGCATAATCAATTAT
TTGTTACTGTGGTAGATAACCACTCCCAGTACCAATTTAACAATATGTGCTTCTACACAGT
CTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACCAAAATTTAAGCAGTATAGCAGACATGTTGAGG
AATATGATTGTCAGTTTTATTTTTTTCAGTTGTGTACTATTACTTTAACTGCAGATGTTATGT
CCTATATTATAGTATGAATAGCAGTATTTTAGAGGATTGGAACCTTGGTGTTCCCCCCC
CCCCAACTACTAGTTTTGGTGGATACATATCGTTTTTGTACAATCTGTTGCTATTACCTGTC
AAAAGGATGCTGCACCGGCTGAAAATAAGGATCCCTATGATAAGTTAAAGTTTTTGAATG
TGGATTTAAAGGAAAAGTTTTCTTTAGACTTAGATCAATATCCCCCTTGGACGTAAATTTT
TGGTTCAGGCTGGATTGCGTCGCAAGCCCACCATAGGCCCTCGCAAACGTTCTGCTCCAT

CTGCCACTACGTCTTCTAAACCTGCCAAGCGTGTGCGTGTACGTGCCAGGAAGTAATATG
TGTGTGTGTATATATATATACATCTATTGTTGTGTTTGTATGTCCTGTGTTTGTGTTTGT
TGTATGATTGCATTGTATGGTATGTATGGTGTGTTGTATGTTGTATGTTACTATATTT
GTTGGTATGTGGCATTAAATAAAATATGTTTTGTGGTTCTGTGTGTTATGTGGTTGCGCC
CTAGTGAGTAACAACCTGTATTTGTGTTTGTGGTATGGGTGTTGCTTGTGTTGGGCTATATAT
TGTCTGTATTTCAAGTTATAAACTGCACACCTTACAGCATCCATTTTATCCTACAATC
CTCCATTTTGTCTGTGCAACCGATTTCGGTTGCCTTTGGCTTATGTCTGTGGTTTTCTGCA
CAATACAGTACGCTGGCACTATTGCAAACTTTAATCTTTTGGGCACTGCTCCTACATATT
TTGAACAATTGGCGCGCCTCTTTGGCGCATATAAGGCGCACCTGGTATTAGTCATTTTCC
TGTCCAGGTGCGCTACAACAATTGCTTGCACTAATATCCACTCCCTAAGTAATAAAAC
TGCTTTTAGGCACATATTTTAGTTTGTCTTACTTAAGCTAATTGCATACTTGGCTTGTA
CAACTACTTTCATGTCCAACATTCTGTCTACCCTTAACATGAACTATAATATGACTAAGC
TGTGCATACATAGTTTATGCAACCGAAATAGGTTGGGCAGCACATACTATACTTTTC
>gi|206902429|ref|NC_011279.1|_HumanPapillomavirus_FA75/KI88-
03,_complete_genome
AACGGTAAGTTTTATTGTTTGAACCGCTGCCGGTTGCTATATTACTCATTTATCTGAT
TGTGGTTTACAACAACCATTCTTAATTAAATACATGTGACCGCTTGCCTTAGATGTAAA
CCTATAAAATTACTTGAAGAATATTAGAGACACATATACTGATGGAGAGGCCTAGAACAG
TACAAGTTCTGAGTCGGCATTTAGAAAATACCAATAGAAGATTTATTGGTACCATGCAAGT
TTTGTGAGCGCTTTTAAACATATATAGAACCTTTTGAATTTGATTACAAACAATTGCAAC
TCATTTGGATTGAAGATTAGTGTATGCTCTTTGCTCTAGTTGTGCATATGCATCTGCTG
CATTTGAATACAAAATTATTTAGAAGGCACAGTCAAAGGCAGAGAAATAGAGCAGGTGA
CTCAACAGTCTGTAGGCTTTATTACTATCAGATGCATTTATTGTTTAAAGCATCTAGACC
TTTTAGAAAAGTTAGACAATTGTGCTAGGCATCAGCAGTTTTATAAGGTGAGAGGTAATT
GGAAGGGATTGTGCAGACATTGTTGGTCGATAGAATGATTGGGAAAGAAGTTACTATTCC
AGATATTGTTCTGGAAGTGAAGAGCTTGTCCAGCCATTGACCTGCATTGCTACGAAGA
ATTACCAGAGCTTCCAGATGTTCTAGTGAAGATTCAGAGGAGGAGCAAGTAGAGCGCAT
CCCATACAAGATAGTTGCTCCTTGTGGTGGTTGTGGCGCTCGCCTTCGACTATTTGTGAT
TGCTACCTTCTTTGGAATCCGCACACAGCAAGAACTTTTAATTCAAGAAGTCAACTTGT
GTGTCTCAGTGCCGAGAGGTCATTTCGAATGGCGGACAAGGACCATAAAGGTATTGATG
CTAAGGAAGGCTGTAGTGATTGGTTTTTAGTAGAAGCTGAATGTTGATAGTACTAGTGATC
TAGAAAATGATTTAGAAAACCTTATTTAATGAAGGGCAGACTCAGATATTTCTAATTTAA
TTGATGATGGGGACATTGAACAGGGGAATTCCCGCGAATTGCTATGCCAGCAAGAAGCAG
AGGAAAGCGAGCAACAGACACAATTGCTAAAACGAAAGTACCTCAGTCTAAAGAGAAAG
AGATCCTGCAGCTCAGTCCGAGCTGGAGTCAATCTCCCTGTCGCCCCATCATAAATCTA
AAAAACGGCTGTTTGTGGAGCAAGATAGTGGACTAGAGCTTTCACTAAATGAAGTTGAAG
ATCTTTCTGAAGAGGTGGAGGTACCGGCGATTACTCCAGCGCCGCGCAGGCGAGGTGGTG
AGGGAGAGGGAACTTGCATTATAAAGCGCTGTTAAAGTGCAGCAATGCAAAAGCAACAT
TGTTAAGTAAATTTAAGGATGCGTTTGGAGTGAGTTTTAATGAGCTCACAAAGGCACTATC
AAAGTAATAAGACATGTTGTAGGGATCGGGTTGTTAGTATTTATGCAGTGAAAGATGATC
TGTTAGAAGGGTCTAAGCATTATTTACAAAAGCATTGTTTCATATATTTGGATGCATGTTT
TACAACCAATGTCATTATTTTTACTGTGTTTAAATGCTGGGAAAAGTAGAGAACTGTAT
TTAGATTACTATCTTCTATTTTGAAGTAAATGAAATCAAACATTGTCTGAACCACCTA
AGTGGCGTAGTGTAATAGCGGCATTGTATTGGTATAAAGGAAGTATGAATCCAAATATTT
ATACTTTTGGAACATATCCTGATTGGATAGTGACACAACTATGATTAGCCATCAATCTT
TGGAGGCCACGCAATTTTCTTATCTGACATGATACAGTGGGCATTTGATAATGATTATA
TAGACGATGCAGATATAGCTTACAACATATGCTAACTGTCTGATACAAATAGTAATGCAA
AAGCATTTTGTAGATAGTAATAGTCAAGCAAAGTATGTTAGAGAATGTGCTTTAATGGTTA
AACATTATAAACGTGGGCAAAATGAGGGAAATGTCAATATCAAGTTGGATTTCATACACGCC
TTTTTATCAGTAGAAGGAGAAGGTCATTGGTCTCATATTGTAAAATTTATCAGATATCAAA
ACTTAAATTTTATTATGTTTTTAGATAAAGTTTAGGACATTTTTCAGAAATACACCTAAAA
GGAATTGCATTTTATTTTCATGGGCCTCCTGATTCAGGGAAATCTATGTTTACAATGTCTT
TAATTCGTGTGTTAAAAGGAAAAGTGTATCATTTGCTAATTCTAGAAAGTCATTTTGGT
TGCAACCACTGTCAGATGCTAAAATAGCACTGCTAGACGATGCTACATATGAGTGTTGGA
ATTATTTTGATACATTCTTAAGAAATGGCATTGATGGAAACCCAGTCAGTCTAGATATAA

AACACAAAGCTCCTTTGCAAATACAATTTCCACCTTTAATGATAACATCTAATATAGATA
TTAATAAAGAAGATAGATATAGGTATTTGCAAAGTAGAATCATGTCATTTGAATTTCCCTA
ATAAATTTCTTTTGTAGTAATAATAAACCTCAATTTCTTTTAACTGACCAAAGCTGGA
AATCTTTTTTTTGAAAGGCTTTGGACACAATTAGAGCTCAGTGATCAAGAAGACGAGGGAG
AGGATGGAACTCTCAGCGCACGTTTCAATGCACCTGCAAGAGAAGTTAATGGACATTTAT
GAATCAGGTGTAGAAACGTTGGAAGCACAAATTGAGCACTGGCAATTATTAAGACAAGAG
CAGGTGCTTTTAAATTATGCAAGGAGGAATGGTGTTATGCGCCTAGGATATCAACCTGTA
CCAAGTCTAGCAACGTGAGAGACTAAAGCCAAGGATGCAATTCGCATGGTTATACTTTTTA
CAAAGTTTACAACTTCTGAGTATGCTGATGAACCGTGGAACCTGGTGCAGACTAGCCTT
GAAACTGTTAGAAGTCCTCCTGAAAATTGTTTTAAAAAGGGACCAAAAAATATTGAGGTT
ATTTTTGATGGAAATCCTGAAAATCTTATGATTTTATACTGTATGGACATGGATATATTAT
CAAACTCAGATGATAAGTGGCAAAAGGTAGAAGGTGCTGTGGACTATGAGGGTGCTTAC
TATACAGAGGGAAAACATAAGCACTACTACCTTAGATTTGAAGCAGATGCTAACAGATTT
AGCACTACTGGACTGTGGGAAGTGCATGTTAACCAAGATACTGTGTTTACTCCTGTCAC
AGCTCTTCGCCGCCATCTGGAAGCAGGGTATCCCTTCTGCCCTCCGACACCCACATCCCTC
CAGCCCTCTTCCAGCGTCTCCACCACACAAAAACGATACGCACGAACCGGATCTAGCCCT
ACAGCCACCGCCCGGCGGCAGAGGAAAAGAGAAAAGACAAGAAGGAGACGGAGAAGGAACG
CAGGCGACATCGAGACAACGTGTGTCAGATCAAGATCAAGACGCTCCAGCAGAGGGAGGAG
CAAGAAACCTCAGTCAAACGAGGAAAGGGCGAGGAGGGTACGAGGGAGAAGAGAA
CCCACCAACGAGACACCTCCTCCAGGGGAGGGAGAAGTAGAAGGCGGCCCAACACG
TCCAGGTCCAGATCAAGAGGGTCTTCTAATGAGCGTGGCCTCTTGCCCTCAGAAGTGGGA
AGATCAGTACAATCAGTTGGTTCAAAACATCTTGGTAGACTTGAGCGATTATTGGAAGAG
GCTGCAGATCCCCCAGTAATTCTGTTTCGTGGGGAGGCTAATCAGCTTAAATGCTATCGC
TACAGGGTGCATAAAAGGCATAAGGGTGGCTACAAATATGTCAGTAGTACTTGGTCATGG
ATCACAGAACATAACAATGACAGAGTGGGACGCGCTCGGATGCTTGTTCTGTTTTCATCA
ACAGAAACAAAGGGAAGCATTTCTAGACACTATGAAATTACCTCAGGGTGTTGATTGGTCC
TATGGGAATCTTGATAATTTTTAATTAACCTTACTAATTGCATGCTTTTACA
CTAATATACTAATCTGCTAATCTGCTATGGCTCGTGCACGCAGAACAAAACGTGCTTCTG
TTACTGATATTTACAGGGGTGCAAGGCTGCAGGTACTTGCCCTCCTGATGTTGTAAATA
AAGTTGAACAAAGCACAAATAGCAGATAAAATTTTAAATATGGAAGTGCTGCTGTGTTTT
TTGGTGGGTGGGAATAAGTACAGGCCGCGGTACTGGTGGCACAACAGGATATGTACCTC
TTGGAGAAGGCCCTGGGGTGC GCGTTGGTGGTGC GCGCCACAGTGGTACGCCCCGGGGTCA
TACCTGAAGTTATTGGTCCAACCTGAGTTAATACCTATTGATACAGTCACTCCAATTGACC
CTACAGCACCTCTGTAGTCACCTTAACCTGACAGCTCTGCTGTTGACCTTTTACCTGGTG
AAATAGAGACAATTGCAGAAGTGCATCCAGTCCCAGTTCCAAGTGCACCAGAAATTGACA
CTCCTGTGGTCACTGGCGGGCGAAATTCATCTGCTGTGTTAGAGGTGGCTGATCCTAGTC
CTCCACACGTACTAGAGTATCTAGAACACAATACCATAACCCATCTTTTCAAATAATAT
CTGAGTCTACACCAATAGCTGGGGAGTCTTCATTATCAGATCATATATTGGTGTTTGAAA
ACACAGGGGGTCAAGCTATAGGTGGTACAAGAGAAGAAATTGAACTACAATCATTACCTT
CCAGGTATAGCTTTGAAATAGAAGAGGCCACTCCTACTCGTCAAACCAGCACACCTATTC
AAAGAGGTAGGCAAGCTGTTTCTGCTTTACGTAGGGCCTTGTAACAATCGAAGATTAAC
AACAGATAGCTGTAGAAGACCCTTTATTTTTATCCAAACCATCTAAGCTAGTAAAATTT
AGTTTGATAATCCTGTATTTGAAGAAGATATTACCCAGATATTTGAAAGGGATATAGAAC
AAGTTGAAGAACCCTCCTGACAGACAGTTTCTGGATGTAGCAAAATTAGGTAGGCCTACAT
ATTCTGAAACTCCTCAAGGCTATGTTAGGGTAAGTAGGCTAGGGCGACGCGCTTCCCTAA
GGACTAGGAGTGGTACTCAGGTTGGTGCACAGGTTCAATTTCTACAGGGACCTTAGTACAA
TTAACACTGAGGAGCCCATAGAATTACAACCTTTTAGGAGAACATTCTGGGGATTCTACAA
TTGTACAAGGGCCTGTTGAAAGTACACTTATAGATGTTAATATTAATGAAACACCTAGCC
TTTTGGAACTTCAGAAATTTAATTCGAAGATTTATTACTTGATGATGCTGTGCAGGACT
TTAGTGGGCTCAATTAGTGTGTTGGTACATCTAGGAGGTCAACTTCATCTGTTACTGTAC
CTAGATTCAGTCTCTCTAGGGAAACAAGTTTATATATTCAAGATATTGAAGGTTATAATG
TAGCTTATCCAGAGTCACGAGAAGTACCTGAAATAATTTATCCACAGCCTGATATTCCAG
CTGTTGTTATACATATAGCAGATGCTTCTGGGGATTTTTATTTACATCCCAGTTTACAGA
AACGAAAACGCAAGCGAGCTTATTTATAATTTTTTTTTCAGATGTCTCTCTGGCTTCCTGCA
AGTGGTAAGGTATATTTGCCACCATCAACTCCAGTAGCTAAGGTGTTAAGCACTGATGAA

TATGTAGAAAGAACTAACATATTTTATCACGCAACTAGTGATCGCCTTTTAACAGTAGGA
CATCCATATTTTGATGTTACAAATTCTGATGGCTCCAAAATAGAAGTTCCCAAAGTGTCA
GGAAATCAATTTAGGGCCTTTAGAATGTTATTTCCCTGATCCAAATAGATTTGCATTAGCA
GATATGTCCATATATAACCCAGAAAAGGAAAGATTGGTTTGGGCTTGTAAGGAATAGAA
ATTAGCAGAGGTCAGCCTTTAGGTGTAGGTACATGTGGTCATCCATTATTTAATAAAGTG
AAAGATACAGAAAATAGCAATAGCTATCAGACAGGGTCCACAGATGACAGACAAAATACA
TCCTTTGATCCTAAACAAGTTCAAATGTTTATTATTGGATGTACACCATGTTTAGGAGAA
TACTGGGATAAAAGCTGAGCCATGTGAAAATGCAGGAGATCAACAGGGAAAAATGTCCACCT
ATAGAACTGAAAAATTCTGTGATTCAAGATGGCGATATGATGGACATTGGATTTGGAAAT
ATAAATTTTAAACTCTATCCCTGAATAGATCAGATGTTAGCTTAGATTTAGTAGACGAA
ATTGCTAAATATCCAGATTTTCTAACTATGGCAAATGATGTGTATGGAGACTCATGTTTC
TTTTTTGCAAGAAGGGAACAGTGCTATGCAAGACATTATTTTACCAGAGGAGGTAATGTT
GGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTTACCTCCTAAG
TCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTTACTTTCTACTGTTAGTGTTCTCTA
GTCTCTTCAGATGCTCAGTTATTTAATAGGCCCTTTTGGTTACAAAAAGCTCAAGGCCAT
AACAAATGGTATACATATGGGGAAATCAAATGTTTGTCACTGTTGCTGATAACACTAGAAAC
ACTAACTTTACCATTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGC
AAATTTAGAGAATTTTTAAGGCACGTGGAAGAGTATCAAATATCTGTAATATTACAACGTG
TGTAAGATATCACTGCAACCTGATGTGCTAGCCAGATCAATGCAATGAATTCAGGTATA
TTAGAAGATTGGCAGTTAGGATTTGTACCAACTCCTGACAATGCAGTACATGACACCTAT
AGATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTTCCTGCAAAAGATAGAGAG
GATCCATTTGCTCAATATTTCTTTTGGAGAGTAGATATGACTGAAAAATTATCATTAGAT
TTAGATCAATATCCTTTAGGAAGAAAAGTTTTTGTTCCAAGCAGGATTACAGAACACCAGG
GTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGTACTGCAAAACGACGACGGACA
TAACGACCGAAATCGGTTTGTATTTAATAAATAAATATTCTAACCAAAATGGTATGTGAA
GCATTTTTTTAAACCGTCTTCGTGACTAAACCGAACAAGTCAACACCAGCAACCGCGCCCG
GTATAATCTGCTTATAAATCGCAGCCGGTACTTCACCTTACAAAGACTTGGCAGTCTGTC
TAGGAACACCGCAGGCGCCCGCCAAGATTCTATTGAAGATATCTTGGCAGAACATCAATT
TGGCCTCACTTCTACACCGAT

>gi|9627396|ref|NC_001596.1|_HumanPapillomavirus_type_9,_complete_genome

CCGCAGGCAACCGCCAATTTCACTGCCAAGGTTTCGTTGGCAGACCGTCTGGCTTCAAAA
CGACCGATAACGGTAAGTCTTGGCACGTAGGTGGTTATTTGATCGTTGGGATGATTGTGG
TTAACAACAATCTACATACACATTTTCATATGACCGCCTTCGTTAATAAGCTTATATAGA
CATAAATATATAAGGTGCCATGTATTTAACAGAGCAGATTATGGACAGGCCAAAACCTAG
AACAGTAAAGGAAGTAGCAGACACTCTTGTGATTCCTTTAATAGATTTGTTGATACCTTG
TAAATTTTGCAATAGATTTTTATCTTATTTTGTAGCTACTTAATTTTGATCACAAGTGTTT
ACAGCTTATTTGGACAGAGGAGGATTTGGTGTATGGACTCTGTAGTAGCTGTGCTTATGC
GTCTGCACAGTTAGAATTTACACATTTTTTTCAATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAGA
AACTGTAGAAGGAACAGCTATTGGAAATATTTGTATTAGGTGTGCTACTGTTTTAAGTT
ATTAGACTTAGTGGAGAAGTTAGCTACATGCTATAAGTTTGAGCAGTTTTATAAGGTCAG
AAACAGCTGGAAAGGATTGTGCAGACACTGTGGGTCGGTAGAATGATTGGGAAAGAAGCT
ACTATACCAGAGGTGGTTCTAGAACTGCAAGAGCTTGTCCAACCCACTGCTGACCTGCAT
TGTTACGAAGAATTGACAGAAGAACCTGCAGAGGAGGAGCAGTGTCTCACTCCCTACAAG
ATCGTAGCTGGCTGTGGTTGCGGTGCAAGACTTCGTTTATACGTGCTTGCTACAAATTTA
GGAATTCGAGCGCAACAGGAACTTTGTGTTGGTGATATACAACTGGTGTGTCCGGAGTGC
CGAGGCAGACTTCGCCATGAGTGACAATAAAGGTACTAAATTAGATCCTAAAGAATGCTG
TAGTGCTTGGTTATCGTTAGAAGCAGAATGCTCTGATTCTAGTTTAGATGGTGATTGGA
AAAATTATTTGACGAAGGGACAGACTCTGATATTTTCAGACCTAATAGATGATGGAGATGC
TGTACAGGGAAACTCCCGCAACTGTTTTGCCAGCAAGAGAGTGAGGAAAGCGAGCAACA
AACACAATGTCTAAACGAAAGTATATCAGTCCCCAAGCTGTTTTGCAGCTTAGCCCTCA
ACTGGAGTCTATCTCTTTGTGCGCTCAGCATAAACCTAAAGGAGATTATTTGAACAAGA
CAGCGGACTAGAATGTTCTGTAAATGAAGCTGAAGATCTTTCTGAAAACACAGGTGGAAGA
GGTACCGCCAATCCACCAACAACAGCTCAGGGAACCTAAGGGCTTGGAATTTGTTAAAGA
TTTACTTAAACATAGCAATGTGAAAGCTGTATTAATGGCTAAGTTTAAAGAGGCGTTTGG
TGTGGGGTTTGTGAGCTAACAAGACAATATAAAGTAACAAAACATGCTGTAGAGATTG

GGTAATTGCTGTGTATGCTGTGAATGATGACTTAATTGAAAGCTCTAAACAATTGTTATT
GCAGCATTGTGCTTATATTTGGCTACATTATATGCCACCAATGTGTTTATATTTATTATG
TTTTAACGTAGGCAAAAGTAGAGAACTGTATGTAGACTATTAAGCACTTGCTGCAAGT
ATCTGAAGTGAATTATTAAGTGAGCCTCCAAAGTTGCGAAGTGTGTGTGCTGCATTATT
TTGGTATAAAGGAAGTATGAACCCTAATGTATACGCACATGGTGCGTATCCTGAATGGAT
ACTTACACAAACACTAATTAATCACCAATCTGCAAATGCTACACAATTTGACTTATCGAC
AATGATACAATTTGCCTATGATCATGAATATTTTGATGAAGCTACCATTGCATATCAATA
TGCAAAGCTGGCTGAAACAGATGCTAATGCCAGGGCTTTTTTACAAAAGTAACAGTCAAGC
CAGACTAGTAAAAGAATGTGCAACCATGGTGAGACATTACATGAGGGGAGAGATGAAAGA
AATGAGTATGTCCACATGGATACATAGAAAACCTGCTTACAGTGGAAGCAATGGGCAATG
GTCAGATATAGTACGGTTTATTAGATACCAGGATATTAATTTTATTGAATTTCTAACAGT
ATTTAAAGCATTTCTGCAAAACAAACCAAGCAAACTGTTTATTATTTTCATGGACCACC
TGACACGGGAAAATCAATGTTTACAATGTCACATAATCTGTGTGTTAAAGGAAAGGTACT
GTCATTTGCCAATTGCAAAAGTACTTTTTGGCTACAACCTATAGCTGATACTAACTTGC
TTTAATTGATGATGTAACACATGTGTGTGTTGGGAATATATAGATCAGTACTTAAGGAATGG
ATTGGATGGCAATTATGTATGTTTAGATATGAAACATAGAGCACCTTGTCAAATGAAATT
TCCACCCCTTATGTTAACGTCTAACATAGATATTACTAAAGACCAAAAGTACAAATATTT
GCACAGCAGAGTTAAATCCTTTGCTTTCAATAACAAATTTCCACTTGATGCTAATCACAA
ACCAGATTTGAACTTACTGACCAAGCTGGAAATCTTTTTTTAAAGGCTTTGGACACA
GTTAGACTGTGAGTATCAAGAAGACGAGGAGGATGGAACTCTCAGCGCACGTTTCA
ATGCACTGCAAGAGACTTTAATGGACCTGTATGAATCAGGTCGAGAGGATCTACAAAGTC
AGATTGACCCTGGCAGACTTTAAGACAAGAGCAAATACTTTTGCATTATGCCAGGAAAA
ATGGAGTTATGCGATTGGGGTACCAACCTGTACCTCCGTTGGCTACCAGTGAACAGAAAG
CTAAAGATGCTATTGGCATGGTTTTACTATTGCAAAGCCTTCAAAGATCAGCTTATGGAC
AGGAACCTTGGACACTGGCACAACCTAGTCTTGAGGCGGTACGCAGTCCACCTGCATATG
CCTTTAAAAAGGGTCCACAAAATATTGAAGTAGTTTATGATGGAGATCCTGATAATGTTA
TGAGCTATACTATATGGAACCTTATATATTATCAGACTGTTAATGATACTTGGGAAAAAG
TTCAAGGTCACGTGGATTATTTTGGAGCCTATTACTTTGAAGGGACTGTAAAAACATATT
ATATTAACCTTTGACAAAGATGCAGCCAGGTATGGCAGAACTGGCGTTTGGGAAGTGCATG
TTAACAAGGACATTGTGTTTGGCCCTGTACTAGCTCTTCGCCACCAACTGGAGACGGGG
GAGAGACCTCCAAGCACACCCTTTCCAGGTCGGGGTCGCCAACAACATCGCGACTCCCTG
CCACCACCGTGCCACCGGAGGATCCAGGACATCATCCCGACGATACCAACGAAAAGCCT
CTAGCCCCACCACCAGGAAGAAAAGACAGAGACAAGGAGAAGGAGAAGGAGAAGGAGAAG
GAGAAGAAACCACTACAGGAGACAAAGGTCCAGATCCAAGGGTCGAACAGAAACCGAAA
GGGGAGGGGAGCGACGGAGACGAGGAAGGTCCCTCCTCCGCAGACTCCACTACCCCCACCG
ACAGGCGAAGGGGAAGGGGAGGTGGAAGGGGGCCACGACCAGGTCCCAGTCCCGTTCCC
GTTCCCGCTCCCCTCCCGGTGCGCGTCCCGAGGAGGGACTGCTTCCAGGGTTGGCGTCT
CGCCTGATGAAGTGGGAACACGAGTTCGATCAGTTGGTGCAGGACATCACGGGAGACTTG
CACGATTACTGGCTGAGGCTAAAGACCCCCCATTAATGCTGTTGCGTGGCGACGCCAATG
TGCTTAAGTGCTATCGCTTTTCGGGAACGCAAAAAAAAAAGAGGCTTAGTAAAATATTATA
GTACTACGTGGTCATGGGTAGGGGAAGACAGTTGTGATAGAGTTGGAAGAGCGCGAATGA
TTTTAGCCTTTGACACATATGAGCACAGACAACAATTCATTAGGACTATGAAATTACCAC
CTACAGTAGATTGGTCTTTAGGAAATGTTGATGATCTGTAAGCTTTACTAACGCTAACGC
TGGCATTGCTACTAACCATACTAACTAACAAACCCATACTAATAACATGGTTTCGTGCA
AAACGTACTAAACGTGCCTCTGTTACAGATATATACAGAGGCTGCAAAGCTGCTGGTACA
TGTCCACCAGATGTAATTAATAAAGTGGAGCACACAACCTATTGCTGATAAAATTTTGCAA
TATGGAAGTGCTGGTGTGTTTTTCGGGGGCTTGGGAATAAGTACAGGCCGTGGCACTGGT
GGTGCCACTGGCTATGTTCCATTAGGGGAAGGGCCAGGAGTCCGTGTAGGTGGCACCCCC
ACTATAGTTGCGCCCTGGGGTGATACCTGAAATAATTGGCCCAACTGATCTAATTCCTTTA
GACACAGTCAGACCAATTGACCCACAGACCCAGTATTGTACAGGCACCTGACAGCACT
GTTGACCTTTTACCCTGGTGAAATAGAATCAATTGCTGAGATACACCCAGTACCAGTGGAC
AATGCTGTAGTAGATACTCCAGTTGTAACAGAAGGTAGAAGAGGCTCGTCTGCCATTTTA
GAGGTGGCTGACCCAAGCCCTCCTATGCGAACCCGTGTTGCACGAACTCAATACCATAAT
CCAGCTTTTCAAATTATTTCTGAGTCTACACCTATGTCAGGTGAATCTTCCTTAGCAGAT
CATATTATAGTTTTTTGAAGGATCTGGGGGCCAGCTAGTAGGTGGTCCTAGGGAATCATAC

ACAGCATCTTCTGAAAACATAGAATTACAAGAATTTCCCTAGTAGATATAGTTTTGAAATA
GATGAAGGAACACCTCCTCGGACTAGTACACCTGTCCAAAGAGCAGTACAATCATTATCT
AGTCTGCGTAGAGCTCTATATAACAGACGTCTTACAGAACAAGTGGCTGTGACAGATCCA
TTATTTTTTAAGTAGGCCTTCTCGTTTAGTTCAATTTTCAGTTTGATAATCCAGCATTTGAA
GATGAGGTCACACAAATATTTGAAAGAGATCTAAGTACTGTTGAGGAGCCTCCAGATAGG
CAATTTTTTAGATGTACAACGCCTTAGTAGGCCCTTTATATACAGAAACACCTCAGGGATAT
GTTTCGGGTAGTAGACTAGGCCGAAGAGCAACAATCCGCACACGTAGTGGTGCACAGGTG
GGCGCACAGGTTTCATTTCTACAGGGACTTAAGCACCATTAACACAGAAAGAACCTATAGAA
ATGCAATTATTGGGGGAACACTCAGGTGACAGTACCATAGTACAAGGCCCAGTTGAAAGT
TCAATTGTTGATGTTAATATTGATGAACCTGATGGTTTGGAGGTGGGAAGACAGGAAACC
CCTTCTGTTGAAGATGTGGATTTTAATTCTGAAGACTTACTGTTAGATGAGGGTGTAGAA
GATTTTAGTGGGTCTCAGCTAGTCGTTGGCACACGCCGACAGTACAAATACATTAACAGTG
CCACGCTTTGAACTCCAAGGGACACTAGTTTTTATATTTCAGGATATACAAGGCTACACA
GTGTCCTATCCCGAGTCTAGACAAACCACAGATATAATTTTTCCACATCCTGACACCCCC
ACAGTAGTAATCCACATCAATGATACATCAGGAGATTATTATTTACACCCAAGTCTCCAA
AGGAAAAAACGCAAACGCAAATATTTATAATTTTGTTTTTGCAGATGTCATTGTGGCTTC
CAGCAAGTGGTAAGGTATATTTGCCACCAGCAACACCAGTGGCGAGAGTTCAAAGCACCG
ATGAATATGTGGAAAGAACAATATTTTTTATCATGCAATTAGTGACCGTTTGCTAACAG
TGGGTATCCATATTATGATGTCCGCTCAGGCGACGGACAAAGGATTGAAGTCCCTAAAG
TGTCTGGTAATCAGTATCGGGCCTTTAGAATTAGCTTACCTGATCCAAATAGGTTTGCTT
TAGCAGATATGTCAGTTTTATAATCCTGATAAGGAACGTCTAGTTTGGGCCTGTAGAGGTA
TTGAAATAGGCAGAGGACAACCTTTAGGGGTGGGAACATCAGGTCACCCATTATTTAATA
AGGTTAGAGACACAGAAAACCTCTAGCAATTATCAAGGCACAACAATGGATGACAGGCAAA
ACACATCTTTTGACCCCAAACAGGTACAAATGTTTCATTATAGGATGTATTCCATGCTTAG
GAGAACACTGGGATAAAGCCAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTAT
GTCCTCCTATAGAATTAAGAAACACAGTAATTGAGGATGGGGACATGTTTGATATTGGAT
TTGGAAATATCAACAATAAGGAACTGTCCTTTAATAAGTCTGATGTAAGCTTAGATATTG
TTGATGAAACCTGCAAATATCCAGACTTTCTAACAATGGCAAATGATGTTTATGGAGATG
CATGTTTCTTTTTTGCAAGAAGAGAACAATGTTATGCCAGGCATTATTATGTTAGAGGAG
GTTTCAGTTGGTGACGCTGTTCTGATGGTGCAGTAAACCAGGATCATAATTTCTTTTTGC
CAGCAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCACCTACTATCCTACAGTAA
GTGGGTCAATTAGTAACCTCAGATGCTCAATTGTTTAATAGGCCATTTTGGCTCCAAAGAG
CACAAGGTCAACAACAATGGCATTATTTATGGGGTAATCAGATATTTGTTACAGTGGCAGACA
ATACACGTAACACCAATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAAT
ATAATGCCAATAATATTAGAGAATATTTAAGACATGTTGAAGAATATCAGATTTTCATTAA
TCTTACAGTTGTGTAAAGTGCCTTTAGTAGCTGAAGTATTATCCAGATAAATGCAATGA
ACTCAGGTATTTTAGAGGATTGGCAATTAGGGTTTGTTCCAACTCCTGAAAATGCTGTTT
ATGATATCTACAGATATATTGATTCAAAAAGCCACAAAATGCCCAGATGCTGTTGAGCCTA
CAGAAAAAGAGATCCCTTTGCCAAATACTCATTTTGGAAAGTGGATCTAACTGAAAGAT
TATCGTTGGATCTTGATCAATATCCTTTAGGTAGAAAATTTCTTTTTCAAGCTGGTTTGC
AAACACGAAAACGTCTATTAAAACATCTGTTAAAACATCTAAAAATGCTAAGAGAAGGC
GAACCTAACCGATATCGGTTTCCAATAAAATTTAAGTTATCCAATTTGGTATGTGAAGCA
TTTTTTAACCATCTTCGTGACTAAACCGTACAAGTCAACACAGAGCGACCGCACCCGGTT
TATCTGATTATAAAGTGCACCTGGTGCAATTTGAACAATACTATCGTGGAATCA
>gi|186461202|gb|EU410349.1|_HumanPapillomavirus_type_111,_complete_genome
AACGGTAAGCTTTGGCACGTAGGTGGTGGTTGATCGTAAGAGTGATTGTGGTTAACAAC
AATCAGAGTTTACACTTACATGTGACCGCTTGCGTTTTCTTTTACATATATACATAAATA
TACACCTATGGTTGTATTTAATAGGGAGAGCTCAATGGATAGGCCAAAGCCTAGGACAG
TAAAGAACTAGCAGACACACTAGCAATTCTGTAATAGATTTATTATTACCATGCAACT
TTTGCAATAGATTTCTTACTTTGAGTTGCTGAGTTTTGATTATAAGTATTTGCAAC
TGATATGGACTGTTGAAGACTTAGTATATGCTATATGTAGTAGTTGTGCTTTTGCTTCAG
CACAGTTTGAATTTATGAAATATTTTTGAATACTCTGTTGTAGGAAAAACAGATAGAACTG
TAGCAAAACCAGCCTATTGGAAATATTACTGTTAGGTGTCAATATTGTTTAAAAAATTGG
ATCTGGTAGAGAAGCTAGGAGTGTGCTACAAACAACAATATTTTCATAGAGTTAGGGATA
ATTGGAAAGGATTGTGCAGACATTGTGGTTCGATAGAATGATTGGGAAACAACCCACTAT

ACCAGACGTAGTTCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCCAACCCACTGACCTGCATTGCTACGA
AGAATTGACAGAAGAGCCTGCAGAGGAGGAGCAGTGCCTCACTCCTTACAAAATTGTAGT
TGCTTGCAATTGTGGTACAAGACTTCGCTTATACGTCTTTGCTACGGAACCTGGAATAAG
AGCCCAACAAGAACTATTACTGGGTGAAGTACAGCTTGTGTGTCCAGAGTGCCGCGAGAG
TCTTCGCCATGAGTGATGATAAAGGTACTAAATATGATGCTAAAGAAGGATGTAGTGAAT
GGTTGTCTTTAGAAAGCAGAATGCTCTGATTCTAGTTTAGATGGTGATTTGGAAAACTGT
TTGACGAAGGGACAGACTCTGATAATTCAGACTTTTATAGATGATGGAGATGCTATTCAGG
GAAACTCCCCGCGAACTGTTTTGCCAGCAAGAGTGTGAGGAAAGCGAACAGCAAACACAAT
TGCTAAAAACGAAAGTATATCAGTCCTACAGCTGTTTTGCAGCTTAGTCCTCAATTGGAGT
CTATCTCTTTGTCACCACAGCATAAACTAAGAGGAGATTATTTGAACAAGACAGCGGAC
TAGAGAGTTCAATAAATGAAGCTGAAGATCATTTCTCAAACACAGGTGGAAGAGGTACCAG
CCATTGTTCCACCAACAACAGCTCAGGGAACCTAAGGGTTTGGAGATTGTAAAAGAATTAC
TTAAATCTAATAATGTGAAAGCTGTGTTACTGGCTAAATTTAAAGAGGCATTTGGAGTTG
GGTTTATGGAACCTTACAAGACAATATAAAAGTAATAAAACATGTTGTAGAGATTGGGTAA
TTAGTATTTATGCAGCTAATGGCGATCTTGTAAGAAGGTTCTAAGCAATTGTTGATACAGC
ACTGTGGTTATATTTGGTTACAACAAATGCCTCCTATGTGTTTATATTTACTGTGTTTTA
ATGTTGGTAAAAGTAGAGAACTGTACTACGATTATTAAGCACAAATATTACAAGTATCAG
AAGTGCAGGTATTGGCAGATCCTCCTAAATTGCGCAGCGTGTTGGCTGCACTGTTTTGGT
ACAAAGGAAGTATGAATCCTAATGTGTATGCTCACGGTACATACCCAGATTGGATATTAG
CACAACAATGATCAATCAATCAAAATGCTGTACTCAATTTGATTTATCCACCATGA
TACAATTTGCTTATGATAATCAATATGTAGAAGAAGCAATAATTGCCTATCAGTATGCCA
AACTAGCAGATACAGATGCAAAATGCTAGAGCATTTCTACAAAGTAATAGCCAAGCTAGAA
TTGTCAGGGAATGTGCTACTATGGTAAGACATTATATTCGAGGGGAGATGCGAGAGATGA
GTATGTCAACTTGGATTACAAAACAATTATTTGTCTGTGGAAGGGGAAGGGCATTGGTCAA
ATATTGTGAAATTCGTTAGATATCAAGGAATAAATTTTATAGATTTTCTTTCTGTATTTA
CTAAGTTTTTACATAATAGGCCTAAGCAAACTGCATATTGCTTCATGGACCACCAGATA
CTGGTAAATCTATGTTTACCATGTCTCTCATTAATGTTCTTAAAGGTAAAGTGCTCTCTT
TTGCAAAATGTAGAAGTACTTTCTGGCTGCAACCACTTATTGAAGCTAAAATTGCATTAA
TTGATGATGTGACAGATGTATGTTGGGATTATATTGATAATTATTTGCGTAATGGATTAG
ATGGCAATGTTGTCTGTTTAGACATAAAACATAGAGCACCTTGTCAAGTAAAATTTCCCC
CACTATTATTAACATCAAACATAGATATATCCAAGGAGCAGAAGCATAAAATATTTACATA
GCAGAATTAATGCTTTGCTTTTACTAACAAGTTCCCCCTTTGATGCTGACCATAAACCAC
AGTTTGAACCTACTGACCAAAGCTGGAATCTTTTTTTTGAAGGCTTTGGACACAGTTAG
AGCTCTGATCAAGAAGACGAGGGAGAGGATGGAAACACTCAGCGAACGTTTCAATGCACT
GCAAGAGACTTTAATGGGCCTGTATGAATCAGGTCGTGAGGATCTACAAAGTCAGATTGA
ACATTGGCAAGCATTGAGACAAGAGCAAGTTTTATTGTACTTTGCTCGAAAAAATGGAGT
CATGCGCATAGGGTATCGACCCGTGCCTCCTTTAGCCACCAGTGAAAGTAAAGCTAAAGA
CGCAATTGGCATGGTTATTTTGTGTCAAAAGCCTCCAAAAATCTAAATATGGCCAGGAGCC
TTGGACACTTGTACAACTAGTCTTGAGACTGTCCGCAGCCCCCTGCAAAATTGTTTTAA
AAAAGGGCCTTACAATATTGAAGTAATCTTTGATGGCGATCCAGAGAATCTAATGAGCTA
TACAGTATGGAAAGATATATATTATCAAACTGTGACTGACTCTTGGGAAAAAGTAGAAGG
CCAAGTGGATTATTTTCGGAGCCTTTTATTTTGAAGGGGCTTTGAAAACTTATTATATTGA
CTTTGAAAGTGATGCAGCCAGATATAGCACAACTGGCAAATGGGAAGTACATGTTAACAA
GAATGTTATGTTTGGCCCTGTCACTAGTTTTTCGCCACCTCCTGGAGACGGGGCCAGTGG
AGAGGCCTCCGGCAACACCTCATCCAGGCCGCAATCACCAGCGCGGGTCCCTCCACCTT
GTCCTCCCAACGGCCACTCACCAGAACATCCCGACGATACAGAAGAAAAGCCTCTAGCCC
CACCACCACGCGGCAAGAAAGACAAAGAAAAAGACAAAAAGCCATTACAAGGAAATCAAG
GTCCAGATCAAGGGGTGCAACAGAAACCCACCGGGGAGGGCGAGGTGGAAGGGCATCCTC
CGCAGACTCCGACAGCTCCACCAACGGGACGCGGGGAAGGGGAGGAGGAAAGGGGCCAC
CACAAGATCCCAATCCCGTTCCCGATCCCGGTCCCGGTGCGAGTCCCACACCCGAAGGGC
TACTTCCAGCACTGGCGTCTCGCCTGCTGATGTGGGATCAGGAGTTTCGATCGGTTGGTCC
AGAACATCACGGACGACTTGACAGGTTATTGGCAGAGGCTAAAGACCCTCCAGTAGTAAT
ATTGCGTGAGATGCTAATGTGCTAAAAATGCTATCGCTTCAGAGCTCGCAAAAAACATCA
AGGTTTAGTTAAATATTATAGTACAACATGGTTCATGGGTAGGTGGGGACTGCTGTGATAG
AGTAGGCAGATCTAGAATGCTTTTAGCTTTTGATACATACAAACATCGAGAACAGTTTAT

CACTACTATGAAATTACCACCTAAGGTAGACTGGTCATTTGGACATTTAGATGATTTATA
ATTTACTTACTAACTTATGCATTGCTACTAACACACTAACAAATAATGGCTAGGGCAAAA
CGTGTA AACGTGCCTCTGTCACTGATATATACAGAGGTTGCAAAGCAGCTGGTACCTGT
CCTCCAGATGTACTTAATAAAGTGGAAACAACTACTATAGCAGATCAAATTTTAAAATAT
GGAAGTGCTGGTGTTTTTTTTTGGTGGGTTGGGAATAAGCACAGGGCGTGGTACCGGTGGT
ACCACAGGATATGTCCCTTTGGGTGAAGGCCAGGAGTACGCATAGGTGGAACCTCCACT
GTGGTTTCGCCCTGGGGTCATTCCAGAGGTAATAGGCCCTGCAGAGTTAATACCTATAGAC
ACAGTCAGACCCATTGACCCTACAGCTCCAAGTATTGTCACTGGTGTCGACACCACAGTT
GACCTTTTACCTGGTGAAATAGAATCTATTGCTGAGATACACCCAGTACCTATAGATAAT
GTAGAAATAGATACACCAGTTGTTACAGGAGGACGGGGCTCTTCAGCCATTTTAGAAGTG
GCTGATCCCAGTCCTCCTGTGCGAACCCGTGTTACACGAACACAGTATCATAACCCTTCC
TTTCAAATTATCTCTGAATCAACACCAACAAGTGGAGAATCGTCTTTAGCAGACCATGTT
ATTGTGTTTGAAGGCTCTGGAGGACAGTTGGTTGGAGGTGCTCGAGAACCCCTCATAGTT
ACTGAAACTATAGAAGTGAAGAATTACCTTCTAGATACAGTTTTGAAATCGATGAAGGT
ACCCACCTCGTACCAGTACTCCTGTGCAACGAGCAGTGCAATCACTTAGTACTTTAAGA
AGAGCACTGTACAATAGACGTTTGACAGAGCAGGTAGCTGTAACCTGACCCTTTATTCTTA
ACAAAACCTTCACGTCTTGTACACTTTCAGTTTGATAATCCTGCATTTGAAGAAGAAGTT
ACCCAAATATTTGAAAGGGATGTGGATCAAATTGAAAGAACCTGATAGACAGTTTTTG
GATGTAGCAAAATTAAGTAGGCCCTTATATACTGAAACACCTCAAGGATATGTTAGAGTT
AGTAGACTGGGTGCGACAGCCTCCATACGCAGCGTAGTGGAGCAGAGGTGGGAGCTCAA
GTACATTTTTACAGGGATTTAAGTAGCATTAACACTGAAGCACCAATAGAAATGGAATTA
TTAGGTGAACATTTCTGGAGATAGCACTATTTTTCAAGGACCAGTAGAGAGTTCTTTAGTA
GATGTTAATATTGATGAACCTGACGCCTTGGTTGTAGGCAGACCGGAAACCCCTCCATTA
GAAGATGAAATAGATTTTAATTCAGAAAGATTTGTTATTGGAGGAAGGGGTAGAAGATTTT
AGTGGCTCACAACTTGTAGTAGGTACTAGGCGAAGCACAAATACATTAACAGTTCCCCGC
TTTGAAACACCTCGTGACACTAGTTTTTATATACAGGACTTTTCAGGGCTATACAGTCTCA
TACCCAGAATCTAGAAACACTGAAAATATTATTTTTCTCATCCAGAAGCTCCCACAGTT
GTGATTCACATATCAGATACTTCTGGTGATTATTATTTACATCCTAGTTTACAAAAACGA
AAACGTAAGCGCAAACGAAAATATCTATAATTTCTTTGCAGATGTCATTGTGGCTGCCTG
CAAGCGGTAAAGGTATATTTGCCACCATCTACACCAGTGGCTCGCGTACAAAGCACCGATG
AATATGTGGAAGAACCAATATTTTTTACCATGCAGTTAGTGATCGTCTGCTGACAGTGG
GGCATCCATATTTTGATGTTTCGCTCCACTGATGGGCAACGCATTGAGGTTCCCTAAAGTAT
CAGGCAATCAATATAGGGCCTTTAGAATAACACTACCAGATCCCAATCGTTTTGCCTTAG
CTGATATGTCTGTATATAACCCTGAAAAAGAAAGGTTAGTATGGGCCTGCAGAGGTCTTG
AAATAGGACGTGGTCAACCACTAGGTGTAGGTACATCAGGACATCCATTATTTAATAAGG
TTCGTGACACTGAAAATTCAGTAATTATCAAGCTGTGACACAAGATGATAGACAAAATA
CCTCATTTGATCCTAAGCAAGTACAAATGTTTATAATAGGATGTGTTCCCTGTATGGGAG
AATACTGGGACAAAGCAAAACCCCTGTGATGATGCAGGAAACCAGCAAGGCTTATGCCCCG
CAATTGAATTAAAGAATTCTGTAATAGAGGATGGAGACATGTTTGATATAGGATTTGGTA
ATATCAATAATAAGGAATTATCTTTTAATAAGTCAGATGTTAGTTTAGATATTGTCAATG
AAGTATGTAAATACCCTGACTTCCTAACTATGGCTAATGACGTCTATGGGGACGCTTGTT
TCTTTTTTGCCAGAAGGGAGCAATGTTATGCCAGACATTACTTTGTTAGAGGAGGCAATG
TAGGAGATGCAATTCAGATGCAGCAGTGCAACAAAATCACAATTATTATCTGCCAGCAC
AGGGTAATCAACAACAAAACATTTTGGGTAACTCCATTTATTATCCTACTGTTAGTGGTT
CTCTTGTTACTTCAGATGCGCAGCTATTTAATAGACCATTTTGGTTGCAACGTGCACAAG
GCCACAACAATGGTATTTTATGGGGAAATCAAATGTTTATAACAGTAGCAGATAATACCA
GAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACAGCAATATAATGCTA
GTAATATTAGAGAATATTAAAGACATGTAGAAGAATATCAATTGTCTTTGATTCTTCAAC
TATGTATAAGTTTCTTTAGTTCCAGAAGTTTATCTCAAATCAATGCAATGAATTCGAATA
TTTTGGAAGATTGGCAATTTGGGATTTGTACCAACACCAGATAATTCTGTGCATGACACAT
ATAGATATATTAATTCAAAGGCTACTAAATGTCCAGATGCTGTAGAACCCTAAAGAGAGAG
AAGATCCATTTGCTAAATATACATTTTGGAAATGTAGATTTATCAGACAAACTGTCCCTTAG
ATTTAGATCAATACCCTCTAGGGCGCAAAATTTTTATTCCAGGCTGGTTTACAAACACGAA
AACGGACTTTAAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTAAATCTGCAAAACGCAGACGCACCT
AACCGATTTCGGTTTTTCAATAAAATGTAAGTAATCCATATTGGTATGTGAAGCATTTTTT

TAACCATCTTCGTGACTAAACCGTACAAGTCAACACAGGGCAACCGCGCCCGGTTTTATC
TGATTATAAACCGCACCAGGTGCAGTTTTAAACAATGCTATCGTGGAATCACCGGAGGCG
CCCGCCACTTTGACTGCCAAGTTTTACTTGGCTGTACACCGATTTGGCTTCAACTGCGAC
CGAT

>gi|186461194|gb|EU410348.1|_HumanPapillomavirus_type_110,_complete_genome

AACGGTAAGATTTTTATCTATTAACCGTAGGCGTTACTTTCTGATTGGTAAGACTGATTG
TAGTTAAACAACAATCTTGATTTATAGCTACATGTAACCGCATGCGTTACAATTTAGGTAC
ATCTACATAAAATATATTTCTCACACCTATCACATACTATTTAAGAGGTTAGATGGCCAGG
CCAAAGCCTTTGACAGTACAACAGCTTGCAGATACATTATGCATTCCCTGTTTTAGACATA
TTAATACCGTGTAAGATTTTGTACTAGGTTTTTATCATATATAGAATTATTAGGTTTTGAT
TATAAAGGGTTACAACCTATTTGGACTGAGGAAGATTTTGTGTTTTGCATGCTGTAGTAGT
TGTGCTCATGCTACAGCGCAATATGAATTTACAAGGTTTTATGAACATTCTGTAAATGGA
CGTGAAATAGAAATAGTAGAGCAAAAAGGAATTGGGGAAGTGGTTGTGCGTTGCCAATAT
TGTTTTAAACGCTCTAGATCTAATAGAGAAGCTAGAAGTTTGTGTAAGCATCAGCAATTT
CATAGGGTAAGAGGCAATTGGAAAGGAGTGTGCAGACATTGTGGGTCGATAGGATGATTG
GGAAACAAGCTACTATACCAGACATTGTTCTGGAATTGCAAGAGCTTGTTTCAGCCCACTG
CTGACCTGCATTGCTACGAGGAGTTAACTGAAGAAGAAACAGAGGAGGAGTCACGTCATA
CACCTTACAAGATTGTTGCTGCTTGTGGCCTTTGTGGTGCAGGACTTCGGCTTTTTGTGC
TTGTGTCAGAGTTTTTGGAAATTCGTACTCAGCAAGAAATTTTGTGTTGGTGAAGTACAGCTGC
TGTGTCCAGAGTGTGCGGAGAGCTTCGCCATGAGTAACGATAAAGGTACAGAAAATGAT
GCCAAACAAGGATGTAGTGATTGGTTTTTAGAGGAAGCAGAGTGCTCTGATGCTAGTTTA
GATGGTGATTTGGAAAAGTTATTTGAAGAAGGTGCAGATACAGACATTTCTGATTTTATA
GATGATGAAAACACTATTCAGGGAAAACCTCCCGCGAATTGTTATGCCTGCAGGAAAGCGAG
GAGAGCGAGCAACAGATACAATTGCTAAAACGAAAGTATTTTCAGTTTACAAGAGGTTTTG
CAGCTTAGCCACGACTGCAGTCTATCAGTATATCGCCACAGCATAAAATCTAAAAGGAGA
TTATTTGAACAAGACAGCGGACTAGATCTTTCTCTAAATGAAGCTGAAGATAATTCTCAG
ACATTGGAGGTGGCGGAGGTACCGGCGTCCATAGTTGCGCCGGCAGCTCAAAGTGCTGAG
GGTTTGGGTATTGTTAAAGACTTACTTAAATGCAGCAATGTAAAGGCTGTATTATTGGCC
AAATTTAAGGAATCATTTGGTGTAGGATTTATGGAATTGACAAGACAATATAAAAGTAAT
AAGACTTGTTGTAGAGACTGGGTAGTTACAGCTTATGCTGTGAAGGATGAACTAATAGAA
AGCTCTAAACAATTGCTTCTGCAGCATTGTGCTTATATATGGCTACAAAATATGCCACCT
ATGACTTTATATTTATTGTGTTTTAATGTAGGTAAGAGCAGAGACACTGTTTGTAGATTG
CTAATGAGTCTCTTGCAAATTGGAGAGATTCAATTAATAGCTGAGCCACCAAAGTTAAGA
AGTGTATTGGCAGCACTATTTTGGTATAAAGGAAGCATGAATCCTAATGTATATGCTCAT
GGTGAATATCCAGAGTGGATAATGGCACAAACTATGATAAATCATCAAACTGCAGACGCT
ACTCAATTTGATTTGTCTAGTATGATACAATTTGCTTATGATAATGAATATTTAAATGAA
GATGAAATAGCATACCATTATGCTAAATTGGCTGATACAGACGCAAATGCTAGAGCTTTT
CTGCAACATAATAGCCAAGCTCGTTTTGTTAGAGAATGTGCTATTATGGTGAGACATTAT
AAACGTGGTGAAATGAAAGAAATGTCAATGTCTACCTGGATACATAGAAAATTACTAACA
GTAGAAGGCGAAGGTCATTGGTCGCATATAGTTAAATTTTACGGTTTCAGGAAATTAAT
TTTATTTACTTTCTTGATGTATTTAAAGCTTTTTTGCATAATACTCCTAAACAAAATTGT
ATACTAATACATGGACCTCCAGACACAGGAAAGTCTATGTTTACTATGTCTTTATTAAGA
GTACTGAAAGGTAAAGTGTTATCATTTGTAAATTGTAAAAGTACATTTTGGTTGCAACCT
GTAGCAGACACAAAACCTTGCAATTGATAGATGATGTTACAGATGTATGTTGGGACTATATA
GATAAATATCTTAGAAATGTATTAGATGGGAATGTTGTTTGTCTGGATATGAAACATAAA
GCTCCATGCCAATTTAAATTTCTCCTTTATTATTAAACATCCAATATGGATATAATGAAA
GAAGAAAAATATAGATATTTGCATAGTAGACTTAGGAGCTTTGCATTTCCAAATAAGTTT
CCTTTTGATAATGACCATAAACCACAATTTCAACTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTT
TTTGAAGGCTTTGGAAACAGTTAGATCTCAGTGATCAAGAAGAAGGGAGACGATGGA
AACTCTCAGCGATCGTTTTCAATGCACCTGCAAGACAAATTAATGGACATTTATGAGTCTGG
TCAAGATGACCTAGAAACTCAAATATTGCATTGGAAATATTTAAGAGAGGAGCAAGTGCT
TTTGTATTATGCCAGGAGAAATGGCATAATGAGATTGGGGTATCAGTTGGTACCACCATT
AGCTACCAGTGAAGCTAAAGCAAAAGATGCAATTGGCATGATGCTCCTTTTGCAAAGTCT
GCAAAGGTCTCCTTATGCTTCTGAGTCATGGACATTAATGCAGACTAGTTTGGAAAGCAGT
GAGAAGTCCACCTGCGAACTGCTTTAAGAAAGGTCCATACAATATTGAAGTAATGTATGA

CAGTGATCCAGAGAATCTAATGTCATACACATTATGGTCATTTCATTTATTATCAAAGAGT
AGATGATACTTGGAACAAAGTGGAAGGCCATGTGGACTATAATGGTGCTTATTATTATGA
AGGCAATTTAAAAACCTATTATATTGAGTTTGAAAGTGATGCTGCCAGATATGGCAAAAC
TGGACAATGGGAAGTGCATGTTAACAAGGACACTATCTTTGCTCCTGTCACTAGCACTTC
GCCGGGAAC TGGAGGAGGGGACTCCGACCAAACCTCCGTCCACTCCGTATCCCGGGCGTC
ATCAACCGTCGCGCGACGGTCTGCCTCCCCCTGCCACCCGAACCACCACACAACGGTC
ACGAACCGAAAAGCAGACGGTACCAACGAAAAGAATCTAGCCCTACATCCACCGCCACCCG
GCAACAAAAAAGACAGCGAGAAGAAGAAACCAACAGGCGATCAAGGTCCAGCTCCCGGGG
GCAAGAAGCAGACTGGGGAGGGGATCGACGCAGAAGGAGGGGAGGAGACTCCTCCACCAG
GAGCCACTCCTCCAACAGGGCAAGGGGAGGGAGAAGTGGAGGGAGGCCCAGAACAAGGTG
CCAATCTCGCTCCAATCAAGGTGAGATCCAGAGGCCCTTCTACCAGGCGTGGCGTCTC
GCCTGCTGAGGTGGGAGAGTCACTTCGATCAGTTGGTCGACGACATCATGACCGACTTGA
AAGGCTACTGGACGAGGCTAAAGACCCCCCAGTAGTTTTGTTGCGCGGCGCTGCTAACAC
CTTAAAGTGCTATCGCTACAGAGCTAAAAAGAAGTATAGTGCTTTAGTGAAATACTTTAG
CACTACATGGTCTTGGGTTGGGGGCGACAATAATGATAGAATAGGGCGTGCTAGAATGCT
ATTAGCTTTTAGCTCAAATACACAAAGAGAATTGTTTTTAAAGTAATGAAATTGCCACC
TAATGTAGATTGGTCTTTAGGATCTTTAGATGATTTATAAACTACTAATAACCTACTAAC
TTGCTTTGCTACTAACACAATAATGTTCCATGGCTCGTGACGTAGAACAAAGCGTGCA
TCTGTAAACAGACATCTACAGGGGCTGCAAGCAAGCTGGTACTTGCCCTCCTGATGTTATT
AATAAAGTGGAAACAACTACTATAGCAGATAAAATTTTAAATATAGGCAGTGCTGGTGTC
TTTTTTGGCGGTTGGGAATTGGCACAGGCCGTGGAACAGGCGGTGCCACAGGATATGTC
CCTTTGGGGGAAGGACCTGGTGACGTGTGGGCGGCACTCCACCATAGTCCGCCCTGGG
GTCATTCCCTGAATTGATTGGACCAACAGATGTAATACCAATTGACACAGTCACACCAATT
GACCCTACAGCACCAGTATTGTACAAATAACTGACACTACAGCTGTTGACCTTTTACCC
AGTGAAATAGAACTATTGCTGAGGTGCATCCTGTCCCTACAGATAATGTGCCAGTAGAC
ACACCAGTTGTTTCAGGTGGCCGCGGTTCTGCAGCTGTACTAGAAGTTGCAGATCCTAGC
CCTCCTGTGCGTTCAAGAATTTCTCGGACACAATACCAGAATCCATCCTTTCAAATTATT
ACAGAATCTACACCATTGCTAGGCGAATCTTCTATGGCAGATCATGTTTGTAGTATTTGAA
GGTGCAGGTGGACAAAGTATTGGTGGCACTAGACAGGCTGCCATTGATACAGCACAGGAA
AGTATTGAGCTACAATCATGGCCTAGCAGATATAGCTTTGAAATTGAGGAAGGTACTCCA
CCACGAACAAGTACACCAGTACAACGTGCAGTAGAATCTCTGTCTAACCTTAGAAGGGCT
TTATACAACAGAAGATTAAGTGAACAGGTAGCAGTAACAGATCCTTTATTTTAAAGCAGG
CCTTCTCGTTTGGTGCAATTTCAATTTGATAATCCTGCTTTTGATGAAGAAGTGACACAA
TTGTTTGAAAGAGATGTAGAAAATTTGAGGAGCCACCTGATAGACAATTTTGTAGATGTG
GTAAGATTAGGCCGTCCACAGTCGCTGAAACACCTCAAGGTTATTTAAGAGTCAGTCGG
CTTGGACGGCGTGCAACCATTAGAATCGCAGTGGTGCTCAAGTAGGAACACAAGTACAC
TTTTACAGAGATTTAAGCACAAATTGATTCTGAAGCTCCTATTGAAATGCAAATACCTGGT
GAACATTCAGGAGACAGCACAAATTATTCAGGGTCCCGTGGAAGTTCCCTTTGTAGATGTT
AATATAGACGAGCCAGATCCTTTAAATGTTGGGCAGTTTGAATCAATGGAAATAGAAGAA
CCAGATTATAATTCTGCTGATTTTTTACTAGATGACCATGTAGATGATTTTAGTGGTTCA
CAATTGGTATTTGGAATCCTAGACGCAGCACAACTTCAGTGACTGTACCGCGATTTGAA
ACTCCAAGAGATACAGGTTTTTATATACAAGATATTCAAGGCCATACTGTTGCTTACCCA
GAATCTAGAGACAACACTGAAATTATACTCCCCTACCTGATACTCCAAGTGTGGTCATA
CACATCAGTGACACTAGTGGTGATTATTATTTACATCCCAGTTTACAAACACGAAAACGA
AGACGCAAACGCAAATATTTGTAATTGTTTTACAGATGACCTTGTGGCTTCCTGCTTCGG
GTAAAGTATACTTGCCACCATCGCCACCGGTAGCACGTGTCCAAAGCACCGATGAATATG
TGGAGCGAAACAAATGTGTTTTATCATGCAAGCAGTGATCGCTTGTTAATAGTGGGACACC
CTTATTATGATGTTAGATCAGGAGATGGCGCAAAAATAGAAGTCCCTAAGGTATCAGGAA
ATCAATGATAGAGCATTCGGGTGCAATTGCCTGATCCTAATAGGTTTGCAATTAGCAGACA
TGTCTGTATATAATCCAGATAAAGAACGTTTAGTGTGGGCCTGTAGGGGTGTTGAAATAG
GCCGTGGGCAACCTTTAGGGGTAGGTACCAAGTGGTCATCCCTTATTTAATAAAGTTAGAG
ATACTGAAAAATTTCTAGCAATTATCAAGCAGGCTCTACTGATGACAGGCAGAATACTTCAT
TTGATCCTAAACAGGTTCAAATGTTTGTATTGTTGTTGTGTCCTGTATGGGAGAGCATT
GGGACAAAAGCTCCTGTTTGTGAATCAGAAGCAGGTAATCAGTTAGGTTTATGTCCTCCAT
TAGAATTAAAAAACTCAGTAATAGAAGATGGAGATATGTTTGACATAGGCTTTGGAAACA

TCAATAATAAAGTGCTATCATTTAATAGGTCAGATGTTAGTTTAGATATAGTTAATGAAA
TTTGCAAATATCCTGATTTTTTAACTATGGCAAATGATGTTTATGGAGATGCCTGCTTTT
TCTTTGCTAGACGAGAACAGTGTTATGCTAGGCATTACTTTGTTAGAGGGGGTGCTGTAG
GGGATGCAATACCTGATGGTGCAGTGAATCAAAATCATAACTATTTCTTGCCAGCAAAGC
AAGATCAACAACAACGCACACTAGCAAACCTCTACATATTTTCCAACAGTAAGTGGTTCTC
TAGTTACTTCAGATGCTCAGTTATTTAATAGACCATTTTGGTTACAAAGAGCACAAGGCC
ATAATAATGGCATATTGTGGGGAAATCAAATGTTTATAACTGTTGCTGATAATACTCGTA
ATACTAATTTTTCAATTAGTGTTACTACAGAAGCTGGAGCAACTGAATACAATTCACAAA
ATATAAGAGAATTTCTTAGACATGTAGAGGAATATCAACTTTCTTTAATACTGCAATTAT
GTAAGGTACCCTTAAAAGCAGAGGTTTTAACACAAATTAATGCAATGAACTCAGGTATCT
TAGAAGAGTGGCAGTTAGGATTTGTTCTACACCAGATAATTCAGTACATGATACTTATA
GGTATATAAACTCAAAGCTACAAAATGTCCAGATGCTGTAGTTCTTAAGGAAAAAGAAG
ATCCATTTGCTAAATATTCTTTTTTGGCACGTAGATTTAACTGAAAACTATCATTAGATT
TAGATCAGTATCCCTCTGGTAGAAAAATTTTATTTTCAGGCTGGTTTACAAAGTCGACCTC
GCTCTGTAAGGACATCTGTTAAGGTCTCTAAGGGTACCAAACGCAAACGGTCGTGACCGA
TATCGGTGTCAATAAATTTTATAACCAATCTGGTATGTGAAGTATGTTTTTACCCTGTT
CGTGACTAAACCGTGATTGTTACTGCCAAGACCGCGCCCGGTTAATCAGATTATAAAGTG
CACCTGGTGCGATTGGATCTAGCTTTTGTGGAAGCACCGCAGGCAACCGCCAAAACCACT
GCCAAGTCTCTTGGCAGAACATTTCTTGGAAAGACGCACCGCT

>gi|126131393|gb|EF422221.1|_HumanPapillomavirus_type_107,_complete_genome
GTTAATCAGATTATATCGCTGTGCGGTGCCAAACAAGACAAAGACTTGGCTGGATCTCG
AGGAAACACCGCAGGCGCCCGCCAAAAGTCTGCCAAGTTTTCTTGGCAGAACATCCATTT
GGCTGCAACTGTACCCGATAACGGTAAGTATTTGTTTTGAGCACCGGTGCCGGTTGCTAA
ATTACTCATATGGTGATTGTGGTTTACAACCATCATCTTGACATATTACATGTAACCGCA
TGTGTAGTATCTAATATAAAAATATTTTGTGCTTCTACAACCTGTTGAGTGTCTATGGAC
AGGCCAAGGACAATCGTACAGCTTACACAGCATCTTAATATAACAGTGGAAAGACTTACTG
GTACCTTGCAAATTTTGCAAACGATTCTTAACTTTTATAGAACTTTTACAATTTGATTAT
AAAAATTTACAATTAATTTGGCATGAAAATTTAGTATATGGTTGTTGTTGCAGCTGTGCT
TATGCATCAGCAGCGTTTGAATTTAAAAATCATTTTGAATTTTCAGGTTGTAGGTAAGCAG
ATTGAGGAGATCACTCAGCAAAGTATTGGATTTATTAATATTAGATGTGTGTTTTGTTTA
AAGAATTTGGATTTGTTGGAGAAGTTAGACAATTGTGCTAGGCATCAGCAGTTTTTTAAG
GTGAGAGGTAATTGGAAGGGATTGTGTAGACATTGTGAGGCGATAGAATGATTGGGAAAG
AAGTAACTATTCCAGATATAGTTCTGGAAGAGCTGCAAGAGCTTGCTCAGCCCATTGACC
TGCATTGTTACGAAGAGTTACCAGAGCTTCCAGATGCTACTAGTGAAGAATCAGAGGAGG
AGCCTGAACGCATCCCTTACAAAATTGTAGTACCTTGTCTGGGTGTCCAGTGAAACTTC
GTCTCTACGTTTTTGCAACCCATTTTGGCATTTCGGGCATTGCAGGATCTTTTGCTTCAAG
AAGTCCAACCTGATCTGTCCACAGTGTGCGAGAGGCTATTTCGCCATGGAGGACAATAAAGGT
ACTGATGCAGGTGCAGGATGTAGTGATTGGTTTTTGGTAGAAGCTGACTGTTCCGATACT
AGTGATTTAGAAAACGATTTAGAAAAACTGTTAATGAAGAGACAGATTCAGATATTTCT
GATTTAATTGATGATGGGGATATTGAGCAGGGAAACTCCCGCGAATTGCTATGCCAGCAA
GAAACAGAGGAGAGCGAGCAACAAGTGCAATTGCTAAAACGAAAGTATTTTCAGTCCTAAA
GCTATTTTACAGCTTAGTCCGCGGCTGCAGTCCATCTCCCTGTGCCCCAACATAAATCT
AAAAAACGCTCTGTTTGTGGAGCAGGACAGCGGCTTAGAGCTCTCACTAAATGAAGTTGAA
GATATTACTGAAGAGGTGGAGGTACCGGCGAGTGCTTCAGTGCCGGCAGCACAGGGTGGA
AAGGGAGTGGGAGAGATGCATTTTAAACAGCTGTTAAAATCTAGTAATGTTAAAGCTACT
TTAATGGGAAAAATTTAAGGACGCGTTTGGGGTAGGATTCAATGAACTGACTAGACAATAT
AAGAGCAATAAGACGTGTTGCAAAGATTGGGTTGTAACCATATACTGTGTTCAAGATGAT
TTATTAGAAGCTTCTAAGATATTGTTACAAAACATTGTAATTATATATGGATGCATGTA
CTACAGCCTATGACATTATATTTATTATGTTTTAATGCTGGTAAAAGCAGAGAAACTGTA
TGATAGATTATTAAGTTCATTCTGCAAATTTGATGATATGCAGGCATTATTAGAGCCTCCC
AGATTGCGAAGTGTTGTCTGCATTTTGGTACAAAGGCAGTATGAATCCCAATGTA
TATTCATTTGGTACGTATCCAGACTGGATAGTAGCTCAAACCTATGATAAGTCATCAAGCA
GCAGAGGCTACACAGTTTTTCATTATCAAGAATGGTACAGTGGGCTTTTGACAATGAGCAT
TTAGAAGAGGCTGATATAGCATACAATTATGCTAAATTAGCTGAAACTGATAGTAATGCA
AAAGCCTTTTTGGATAGTAATAGTCAAGCCAACCTTTGTAAGACAGTGTGCTTTGATGGTG

AGGCATTATAAACGAGGGCAAATGAGAGATATGTCAATGTCATGTTGGATTTCATACCCGT
CTTATGTCTGTAGAAGGAGAAGGACATTGGTCAGAAATAGTAAAATTTATAAGATATCAA
AACTTAAATTTTATAATGTTTTTGGATAAAATTCGTACGTTTTTAAAGAATACTCCAAAA
AGAAATTGTATGTGCTTTTATGGTCCACCAGATTCTGGTAAATCTATGTTTACTATGTCC
TTAATAAATGTATTGAAAGGAAGAGTACTTTCCTTTGCAAACCTCCAGAAGCCAGTTTTTG
TTGCAGCCTTTGTCAGAACTAAGCTTGCTTTGCTAGATGATGCTACACAAGAATGCTGG
AATTATATTGATACATTTTTTAAGAAATGGTGTAGATGGTAATTATGTATCTTTAGACATT
AAACACAGGGCTCCGTTACAGATCAAATTTCTCTCCATTAATGATTACCACAAATATGAAT
ATACTAAAGGAGGAAAAGTACAGGTATCTACATACTAGAATAGAATTTTTTGAATTCCCA
AACAAATTTCCATTTGATAATAATAACAAGCCACAATTTACCTAACTGACCAAAGCTGG
AAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTTGGACACAATTAGAGCTGAGTGACCAAGAAGACGAGGGA
GAGGAGGATGGAGACTCTGAGCGAACGTTTCACTGCACTGCAAGACAAGTTAATGGACAT
ATATGAATCAGGCCTAGAAACATTGGAAGTCCAAATTGAGCACTGGCAACTCTTAAGACA
AGAGCAGGTGCTTCTGAACTTTGCTAGGCGAAATGGTATTTTGCAGCTGGGATATCAACC
AGTCCCAAGTCTTGCAACTTCAGAGACCAAAGCCAAAGATGCAATTGGCATGGTACTTAT
GTTACAAAGTTTGCAGAACTCCAAATATGCCGAGGAAACATGGAGTTTGGTGCAAACCTAG
CCTTGAACTGTTTCGAAGTCTCTCTGAAAATTGCTTTAAAAAGGAACCACAGACTATTGA
AGTGGTGTGTGATGGAGATCCTGAAAATCGTATGATATACACAGTATGGAACCTGGATTTA
TTTTTCAGAATACAGAGGACATATGGCAAAAAGTTAAAGGACATGTGGACTATGAGGGTGC
CTTTTACATGGAAGGCACACACAACATTATTTATATAAAGTTTGAAAATGATGCTAACAG
ATTTAGCGCTACAGGACTTTTGGGAAGTTTCAATGTTAACCAAGATACTGTGTTTACTCCTGT
TACTAGCTCTACGTCGCAAGCTGGAAGCAGACTATCCCCGCTGCCCTCTGACCCACATC
CCGACGGCCCAGCCCATCCATCTCCACAGTCACCACCAAGCAGCGACGGTACGGGCGAAA
AAGATCTAGCCCTACAGCCACCACCACCGGGAGGCAGAGGCAGAGAACGCGAGAGACACA
GCAAAAAACCAAAGAACCAGAAGCAGGAGCAGAACAAAATCAAGCACCCGTTCAAGAAA
CCGACGCCGACGCCGACGCCGACGCGAAGGCAAGACACCGACGCCACCAAAGGGCG
AGGGCAAGGTGGAAGGGGACGGGAACGGGAACGGGAACGAGAACGGGAACGAGC
AGACACCTCTAACAGAACCTCCCGAGGGGGAGGGCGAAGTGGAAGGAGGCCGAAACCCG
GTCAAGATCCAGATCCGGAGGATCTCCCGACAGGGTTGGCATTGCGCCTTCTGAAGTGGG
AAGAACATTACAATCTGTTGGTACAACAGGTCATGGGCGACTTGGAAGGTTACTGGATGA
GGCTAAAGACCCCCCAGTAATTTTGTAAAGAGGGGAAGCAAACCAGCTTAAATGCTATCG
CTTTAGAGCACGCAAAAAGCACAAAGGAACTATAAGTATTTTAGTAGTACCTGGTCCTG
GATAGGGGAACATAGTAATGATAGAATAGGTAGAGCCGAATGTTAGTTAGTTTTACATC
CACACACCAACGTGAAATGTTTTTAGATACTATGAAATTACCACAAGGTGTAGACTGGTC
ATATGGGAATTTTGACAGCTTATAATACTAACCTTTTTTGCTATTTTTTAACTGCTGCCTAG
CTACTAACATACTAACATGGCGCGTGCGCGCAGAACTAAACGTGCCTCTGTACAGATAT
ATACAAAGGCTGCAAAGCTGCTGGCACATGCCCTCCAGATGTTATTAATAAAGTTGAAAA
CAAACTATAGCAGATAAAATATTGCAATATGGTAGTGCAGCTGTTTTTTTTTGGGGGCCT
GGGTATAAGCACAGGTAAAGGCACTGGTGGAAACAACAGGTTATGTGCCTTTGGGAGAAGG
CCCTGGTGTGCGTGTAGGTGGCACTCCAACAGTGGTTCGCCCTGGGGTCATACCTGAAGT
TATTGGTCCCCTGAAGTAATACCAATTGATACAGTCACTCCAATTGACCCCTGCAGCACC
TTCCATAGTTAATCTGACTGACAGCTCTGCAGTTGACCTTTTACCTGGTGAAATAGAAAC
TATTGCAGAAAGTGATCCTGTTCTGTGCCAGATACAGAAATAGACACACCTGTTGTAAC
AGGCGGTGCGAGGTTCTCTGTCTGTCTAGAGGTGGCAGACCCAGCCCCCAATACGCAC
ACGTGTGTCACGTACCCAGTATCACAATCCATCCTTTTCAAGATAATATCCGAATCTACACC
TATTGCTGGTGAGGCATCCCTGTGACACCAAGTGTTAGTGTTTGAAAATACTGGAGGACA
AACAAATCGGTGGGATTCGGGAAGAAATTGAATTGCAACCTTACCTTCTAGGTATAGTTT
TGAAATAGAAGAAGCAACACCAAGACAAACCAGCACACCTATTGAAAGAGGTAGGCA
AGCGCTTTCTCCATTTCGAAGAGCCCTGTATAATAGGCGCTTAACACAGCAGGTGCCGCT
GGAAGATCCATTATTTTTTAGTAGGCCATCTAAACTTGTAAGATTTCAATTTGATAATCC
AACATTTGAGGAGGAAGTAACACAAATATTTGAAAGGGATTTAGAATCTGTTGAAGAACC
TCCTGACAGGCAATTTTTTGGATGTTGCCAAGTTAGGTAGGCCTCTATATTCCGAAACCCC
ACAAGGCTATATACGGGTGAGTAGATTAGGCAACAGAGCCTCTTTACGAACCAGAAGCGG
TGCACAAGTAGGGGCACAAGTACACTTTTATAAAGATGTTAGTACCATTGATTCTGAAGC
TCCTATTGAACTACAATTACTGGGGGAACATTCAGGAGACACCAGTATTATCCAAGGGCC

TGTTGAAAGTACACTGGTGGATATTAATGTAAGGGATACTCCAGAATTGCTTGAAAGTTC
TGAATTTAACTCTCAGGATCTACTTATTGATGATGCTATAGAGGATTTTAGTGGGTCACA
GCTAGTGTTTGGCAACCCTAGACGGTCTACCACTTCTGTCACTGTACCCAGATTTAGTTC
TCCAAGGGAAACTACTTTTATATGTGCAGGATATACAAGGTTACACTGTAGCATACCCAGA
ATCACGTGATAGGCCAGTAATAATTTATCCTCAACCTGAGATTCCTGCAGTTGTTATCCA
TTTTGGGGAATCAGGTGCTGATTACTATTTACATCCCCATTTACAGCGACGCAAGCGCAA
GCGAGCTTATTTATAAATTGTTTTTCAGATGTCCTTGTGGCTTCCTGCAACTGGTAAAGTA
TATTTGCCACCATCAACTCCGGTGGCACGGGTGCTAAGTACCGATGAGTACGTGGAGCGG
ACCAATATATTTTATCACGCCACTAGTGACAGATTATTAACAGTAGGACATCCATATTTT
GATGTTCCGGTCGTCTGATGGCTCTAAAGTAGAAGTACCTAAAGTGTGAGGAAATCAATTT
AGGGCATTTCGAATGCTGTTTCCAGATCCCAATCGATTTGCATTAGCAGACATGTCAGTA
TACAATCCTGACAAGGAAAGGCTGGTATGGGCCCTGTGCAGGTATAGAAATTAATCGAGGA
CAACCATTAGGTGTTGGTACAACCTGGTCATCCTTTGTTCAATAAGGTAAAGGACACTGAA
AATACAAATAGCTATCAAAACAGTTCAACAGATGATAGACAAAACATTTCAATTTGACCCT
AAACAAGTACAGATGTTTGTATAGGATGCACACCATGTTTAGGGGAATATTGGGATAGG
GCACTGCCATGCGATGATGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATGAATTAATA
AATTCTTTTATAGAAGATGGGGATATGATAGATATTGGGTTTGGCAATATAAATAACAAG
ACATTATCAGTAAACAAATCAGATGTTAGTTTAGATTTAGTAAATGAAATAGCTAAATAT
CCAGATTTTTTAACAATGGCTAATGATGTGTATGGCGATTCTTGCTTTTTTTTTTGCCAGG
AGAGAACAAGTGTATGCTAGACATTATTTCACTAGAGGAGGAGCTGTGGGTGATGCTATA
CCTGATACAACAACATAATCAAGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCC
CAAAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCGTTAGTGGCTCCTTAGTTTCTTCT
GATGCACAGCTCTTTAACAGACCCTTCTGGTTGAAACGTGCACAAGGCCACAATAATGGT
ATTCTATGGGGAAACCAAATGTTTGTACTGTTGCAGACAATACAAGGAACACCAATTTT
ACTATAAGTGTGCCTAGTCAAAATGGACCCCTTACAGAATATGATGCCAATAATATCAGG
GAATTTTTTAAGGCATGTTGAGGAATATCAAATATCTGTAATACTGCAACTTTGTAAAGTG
TCTTTACAACCAGATGTGTTAGCCCAAATTAATGCTATGAATTCAGGCATTTTGGAAGAC
TGGCAATTAGGTTTTGTACCAACACCAGATAATTCAGTTCATGACACTTATAGATTTATT
AATTCTGCTGCTACTAAATGTCCTGACAAGGTTGCTCCTAAAGAAAAGGAAGATCCTTTT
GCTCAATACTTTTTCTGGAGAGTTGATATGACAGAAAAATTATCTTTGGATTTAGATCAG
TATCCTTTAGGACGTAAATTCCTATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCA
GCGCCGACCACCAAATCGGTTGCAAAGCATAGCAAACGAAAACGTACTTGACCGAAATCG
GTCCCTCTCAATAAACAAGTATTCTAACTAAAGTGGTATGTGAAGCATTTTTTAACCGTG
TTCGTGACTAAACCGAACAAGTCAACACCAGCAACCGCACCCGGTTAATCAGATTATATA
TCGCTGTGCGGTGCCAAACAAGACAAAGACTTGGCTGGATCTCGAGGAAACACCGCAGCGC
CCGCCAAAAGTCTGCCAAGTTTTCTTGGCAGAACATCCATTTGGCTGCAACTGTCACCGA
TA

>gi|9628566|ref|NC_001693.1|_Human_papillomavirus_type_60,_complete_genome

TATAGGATATACACTGATTGTTGGCAACTATCATTAATCATAAAAAAATATGACCAGA
AGAGGTATATATAAATAGCTGAGACGTTTCGTAAACTTTAGGATGCAGATGGAAGAAGACA
GGTTTCCAACAACAGTGGCTGATTATTGCTCTGAATTTGATATTCCTTTAAAAGATCTTA
AGTTAAAATGTGTATTTTGTAGATTTTACTTAACTGAACAGCAGTTGGCTGCATTTTATA
TTAAGAATTTAAAGTTAGTTTGGAAAAACCGTTATTGCTTTGCTTGTGTACTCCGTGTC
TTAGACTTACTGCTAAATTTGAAGCTGAAAACATTTTTCAGTGTATGTGTAAAGGAGAAG
TATTAGAAGTTCTAACTCGTATTCTTTGAGTTCCTTTCTGTACGCTGTTTTGATTGCC
TTACATTGTTATCTTTTGCAGAAAAAATAGATTGTATAAATTAGTGGTCAAAACTTTTATC
TTGTAAGGGGTCGCTGGAGATCATATTGTAGAAATTGCATTGAGAAATGATTGGTAATCA
GCCTAATGTTAATAACCTTGATGTAAATTTGGAGGAGTTGGTTTTACCTGTCAGTCTTTT
AGCTGATGAGGAGTTGTGTCACCCGATGGTGATCCTGAGGAGGAGGAGCACTATCCCTATAC
AATAGACACCTGTTGCAAACCTTGTGGAGCAGGTGTTAGATTTACTATTATTGCTACTCC
TTCTGCTGTAATAACTCTTCGTCAACTATTGCTTCAAGAAGTGTTCCTGACCTGTTTGAG
GTGCTCCAGATCCCTTTTTTCGACATGGCAGATCCTAATAAAGGTATTAATTTCTCTTGAAT
TAAATGAGGGGCATAGCGAATGGTATGTTGTGACAGAAGCTGAGTGTATTAATAGTTTGG
ATACAATGGAAGAGCTATTTGAAGAAAAGTACAGATGGATCTATTGTGTCCAATCTGATAG
ACGATTCCGAGGAACTGGAGGAGGGAAATTCCTGGCACTCTACAATGAACAGTTAACAG

AGGATTGCAATAGAGCTATTTTAGCGCTAAAACGAAAGTTAACTAAAACACCTTTGAAAA
GCCAGGACAGAACGGTTGCTGACCTAAGTCCAAGGTTGGAAGCTGTCACAATTTACCTC
AGAGACAAAGCAAAAGGAGATTATTTGAGGACAGTGGATTAGGAGAAGATGAAGCTACAA
ATTCTATTGAAAAAAGGTAGTTTCGAACTCTTTAGAGAGTAATGAAAGTGGGACCTTGG
TTGTGGAAACGGACAGTATATTTTCGCAGTACTAATAGAAAAGCCACTTTATTGGCTAAAT
TTAAAGAATACTTTGGTGTAGCATATGGAGATTTAACGCGACCGTTTAAAAGTGATAGAT
CATGTTGTGAAAACCTGGGTTATAAGTGTGTGTGCCGCTGCAGAAGAAGTAATAGAAGCTT
CAAAAACAGTTATGCAGCAACATTGTGATTTTTTACAGGTTATTTTCATATGGGTTTTATG
CTTTATATTTTGGTAAAATTTAAAACAGCAAAAAGTAGAGATACTATAATGAAATTATTTT
CTTTAACATTGAATGTACAAGAACAACAATTAATGTGTGATCCACCAAAATCTAGAAGTA
CCCCAACAGCTCTTTATTTTTTATAGAAGGTCATTTGGAAATGCATCGTTTATTTATGGAC
CGTTTCCAGATTGGTTAGCAAAATTAACATATGTTAGACCATGAATCCGCCGCGAGCTCAG
AACAGTTTGAACCTTGCTCAAATGATTCAATTTGCTTATGACAATAACTTGACAACCTGAAT
CTGAAATAGCTTATAAATATGCATTGTTAGCTGATTCTGATGCTAATGCAGCTGCATTTT
TAAAAAGTAATCAACAGGTAAAATATGTACGAGACTGCTATGCAATGTTAAGATATTATA
AAAGACAAGAAATGAAAGATATGTCAATTTCTGAGTGGATATGGAAATGTTGCGATGATT
GTAATCAAGAGGGCAACTGGAAATTAATAGCACAAATTTTTACGTTATCAAGAAGTTAATT
TCATTTCAATTTTTATGCTGATTAAAGACATTGTTTAAAGGTATTCCAAAAAGAAATTGTT
TAGTGTTTTGGGGACCTCCAGATACAGGAAAGTCTTATATTTGTTCTTCACTTACACGGT
TTATGCAGGGAAAAAGTGGTATCTTTTCATGAATAGACACAGTCAATTTTGGCTACAACCTT
TACAAGATTGTAAGCTTGGATTCTTAGATGATGCTACATTTCAATGTTGGCAATACATGG
ATGTAAATATGCGAAATGCATTAGATGGTAATCATATTTTCATTAGATTTAAAACATAAAG
CTCCTTTACAAATAAAATTACCTCCTTTATTAATAACTACCAATGTTGATGTTGAAAATG
AAGCTAGCTTAAATGTATTTAAAGAGTAGACTAGTATTTTTTAAAGTTTCCTAACAAATTAC
CTTTAAAAGAAAATGATGAAGTACTTTATGAAATTACTGATGCATCATGGAAATGTTTTT
TTATCAAATTTGCAAGCCATTTAGAGCTGACAGCCAGAGGAGACGAGCAGCATGAATCAG
GCCGATCTGACCGAGCGTTCCGATGCACTGCAGGAACAAATACTGAATCTATATGAGCAA
GATTCAAAGGACATTCAGGCCCAAATACAATATTGGGATTTAAATAGAAAACCTATATGTC
ACATACTATTATGCAAGAAAAGAAGGCTATTCGCATTTGGGTCTTCAACCTTACCAGCT
TTGCAAGTATCAGAGTACAAAGCCAAGCAGGCAATCGAAATGGGATTGTTATTAACCAGT
TTAAGCAAATCCCAATATGCTTCAGAATATGGGGTTTAACAGATACAAGTGCAGAATTG
TTATTAACCCCTCCAAGAAATACATTTAAAAAGAAGGGATATACTGTAAATGTGTGGTTT
GATAATAATGAAAATAATACATTTCCCTATACAAATTGGGAATATATTTACTATCAGGAT
GATATTGAACAATGGCACAGGACCAGAGGAGAGGTGGACTATAATGGACTTTATTTTACA
GAAAATAATGGAATAGAGCATATTTTCTCCTATTTGATAGTGATGCACAAACATATTCA
CAAACCTGGGACATGGACAGTGCATTATAAAAACCAAATTATTTCTGCTCCTGTTACCAGC
TCCTCAAAACAATCCTCCGACGACTACACTTCCAAAGCCGGGCAGCAACCCCACTTCTTC
GCCTCATCCTCATCGCCGACTACTACCGACGGAGGACAGACCTCACAAAGAGGGAGTCTCT
AGCTCTACCACGTGCGCCGAGTGCTGTTTCGATTACGACGCCGAAGATCCAACGAGCAACAA
AGAGAACTATCCTCCAGAGAGTCGCCCCGTACCAAAAGACGCAGAGTACCCGACGAAGTC
GACCGACAGAGTGCCGTGGGGTCTGCCCCAACTGCTGAAGAGGTGGGAAGCAGACATAGA
TCTCTTCTTAGAAGCGGTATATCAAGACTTGCAAGACTTCAAGGAGAAGCTCGGGATCCT
CCAATCCTGCTAATTAAAGGTCTAGCAAACTCCCTTAAATGTTGGAGATATCGATTGAAA
AAGTATACACGTTATTTTAAATGTATGAGTACAGTATTTAGATGGGTAGACATAGACGTA
CCAGAATCTTCTAGACATAAATTGTTAGTTGTTTTTAATGATACCACACAACGAGATGTT
TTTATGAAATTAGTAACTTTGCCAAGAGGTTGTACATATACATTTGGAACATTAACTCT
TTGTAATATTTGTAAAACAAAACAAAATGTATGCTAGAGTAAAGCGTGTTAAAAGAGACT
CTGTTGAAAACCTTATATAAACAATGTCAACTTGGTGCTGACTGCCCTCCTGATGTACGAA
ATAAAGTAGAAGGAACCACTTGCAGATCGATTATTACAAATATTTGGAAGTATCTTAT
ACCTGGGGAAATTTGGGTATAGGGACAGGTAAAGGATCGGGGGGTGCTACAGGCTATACAC
CTCTTGGTACTGCAAGAGTGCCAGCGTCTACACCTGGAACAGTTATAAAAACCCACACGAC
CGTTTTTCGGTTCCTTTAGATCCAATAGGTTCTGGAATTCCATCGCAACCTGTAGGAGGTC
GGTTACCTGTGGACATTATAGATGCCAGTGCTTCCTCTATTATACCCCTTGACAGGAGGTCC
TGCCAGAGACCACCATTATAGTAGGCGGTGACAGCGGTCTGGATTGGGTGCAAGTGAAA
TTGATATAGTTTCAGAACCAAGACCAGATGTGGTCGGTGTTGATACTCAACCAACAGTAT

ATACCTCCATTGATAATACAGTTGCTACATTAGACATTACACCAGCTACACCACCAGTGA
AGAAAATAATATTAGACCCTATAAGTTTCAGGTTCTGAAGGTGCTGCAGCAATAACATTTT
CAGATATAAGTGCTGCAGATTTAAATGTATTTGTTGATCCTCAGGGAGCAGGAGATAGAA
TAAGTTTTGGAGAAGAAATAGAGTTAGGCCCTATTAATCAGCCTGCTCAATTTGAAATAG
AAGAACCTCCACGTACCAGTACACCTGGGGAGGGATTTCAACGTGTTACAACACGGGCAA
GGGAATTATATAATAGATTTGTGCAGCAACAGCCAACACAAAATATTGACTTCTTAGGAC
GTCCTTCCCGCGCTGTACAATTTGAATTTGAAAATCCCGCCTTTTTTAATGATGAGGTGA
CTATGCAGTTTGTAGCAAGATTTGCAAGAGGTGGCTGCAGCGCCAGACCAGGATTTTGCAG
ATGTCAGGGAATTAGGACGAGCTCGGTTTTTCAGAAACATCTGCAGGAACAATACGAGTCA
GCAGATTAGGAACAAAAGGAACAATGAAAACACGAAGTGGACTAACTATTGGTCAGAAAAG
TTCATTTTTATTTTGATATTAGTGATATTCCAGCTGCAGAAACCATACAACTAAGAACAT
TAGGCGAGTCTTCCCACGATTTTTCTGCAGTAGATAATATTACTGAAAGTACATATATTA
ATTTAACTGAAACTACAAATGAAGGCCTAATACCTGACAATATACTAGAGGATGAATTTA
CAGAAAACTTAATAATGCACAGCTGATATTTGCAACAATAGATGAAGGAGAATCTATGA
TCATGCCCACAATTCCTCCAGGTGTAGCTTTAAAGTTATTTATTCCAGAAATAGCTGCAA
GCGTGTTAAATGTGGTTCATCCTTCTCTGAGTGGACTATTTTGATTCTAATGTTCCAG
ATGAAATTATTCAGCCTGCTATGGCAGTAGATGTTTATGATGACTTTTATTTACATCCTC
ATCTTCTTAGGCGACGCAACGAAAACGGTTGGATTTTTTTTTAATGTTTTACAGATGGCT
CTTTGGTTGCAGACAGCTGGACAATTTGTATCTTCCACCAAGCAAGCCTGTTGCTCGTGTA
CTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTTCATACAGGAAGTACAGA
ATGCTAATTTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACT
GTACCTAAATGTAGTGAAATCAGTTTAGAGTTATGCGACTACTATTTCCAGATCCAAAC
AAATTTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGA
TTGGAAGGCCTTGAAATTGGTAGAGGTGGGCCTTTAGGAATTGGAACCTTCTGGCCATCCA
TTATTTAATAAATATGGAGATACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAAT
GGTGATGACAATAGAATGGATGTTTCAATGGATCCAAAACAAATGCAATTGTTTATTGTA
GGATGTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGGGATATTGCTAAACCTTGTGATCCTGCTCCA
GCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATTAACACAGTCTATAATTCAGGACGGTGAAATG
TGCGATACAGGCTTTGGAAATGCAATTTTATTACCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTT
CCTCTAGATATTACCAATGAAATTTGTAAATATCCTGATTTACTAAAAATGACAAAAGAT
ATCTATGGAGATGCAGTATTTTTCTTTGGTAAACGTGAACAAATTTATTCCAGGCATTAT
TTTGTAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCA
CAAACCTGATAAACCTCAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGT
TCTGTAGCTTCTAGTGATAATCAACTTTTTAATAGACCTTATTGGCTTCACAGAGCCCAA
GGTGCAAATAATGGTATTTGTTGGGGTAACCAATTATTCATTACTATAGTAGATAAATACT
CGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGCTATTGATAACAGATAT
AAATATAAACAGGAAGATTTTAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAG
TTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGATGTTCTAGCTCATTTAAATGTA
ATGGACAAAAATATTTTAGAGGATTGGCAACTTTCATTTGTACCTCCACCACCACAAGGT
ATTGAAGATGCTTACAGATATATAATGTCTCAGGCAACAATGTGTCCAACAGATGTTTCCT
AATACTGAAAGGGAAGACCCTTATAAACAGTATACATTTTGGACAATAGATTTGCAAGAA
CGTTTTTCTAACGAATTATCCCAGTTTTCTCTTGGAAAAAGATATTTATATCAGTATGGC
TTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAAACGAAGAAATCAAAAACCTGTG
AAACGTAAAAGAACTAAATAAATACATATATATATTATATGATTAATGAAGGATATATTA
ATTAATAATGCTGCTGTTGTAAAATGAAGGATTAATAAATTGCACATCAGCAAGTGTCTG
ACTCACGGGGTCTACATTTTTGTCTACCGCGCCTTCATAATTATCTTGGCATTGCATATC
GAGACTATAAGAAACAATCAGTTGGCACACTCTCGGATTTAACAAGCATTGCTGGACACT
TACCAACCGTAACCTGGTTAAAAAAGAGCGCCAAAGGGGAAACAGGCAACCGTTTTTCGTTT
TCCTGAAGGAACGTTTTCCAGGTAAGTACATGTTTCATACAAAGTTTTTGACTCACTCTCTT
TGTTAGAAACCAATTTCCGTTCTGTGGATATGCGCCAGACCAAAACGGTTGCC

>gi|9628550|ref|NC_001691.1|_HumanPapillomavirus_type_50,_complete_genome
TCTATCTAATAATAGTTGCCAACAATTATTAGACATAGAGACGTGACAACCGACTACGGT
GCATATAAAAAGAGCTGATCAGCACAGATTTGAAGGAGACTGATGGAGCCTCAGAGAGCTA
AAAATTTGGTGGACTATTGCAAGCAACAACAGATTAGTTTTTTTTGAATTAGAGCTACAGT
GCTTGTTTTGTAAATTTGTTATTACTTTGCCTGACTTAGCTAGCTTTCATTGTAAAAAGT

TAGCTCTTGTATTATAGAGATGGTATTGCTTTTGCTGCGTGCGCTAAATGCTTAAGATTGT
CTGCTATCTTTGAAAATGAGAGATATTATACTTGCTCTATAAAAGCTTACTTGCTATCTG
ATTTGATTGGTAGACCTTTGAGTGAAATCGCAATTCGCTGTGAAAATTGTATGTGTTTGT
TGGATTATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCACGGTGGTTATTTTCATTTAGTTAGAG
GTAATTGGAGGGGCTGTTGTAGAAATTGTTACGAACATGAGGGGTGATAAACCAACTATT
CCTGATATTGTTTTAGAAAGAGCTTGTTTTGCCCTGTGAATTTGCTTAGTGACGAATCTATT
GAAACTGATGACATAGCAGAATCTGAAAGGTCACCATTCAAGATTGATTCTACGTGTAAG
CATTGTCAATTGTGCGGTTAGACTGTGTTGTGTGCGCCACCGACGCAGCTATCCGTGTGTTT
GAGTGCCCTTCTTCAATCAGAATTTTCTTTTCTGTGTCTTAAGTGCTCCAAAAGAATTGCTA
CGAAATGGCAGAACTTAAAGGTACAGATAATAATTCTAATGTAGAAAATTATTAATGAGTT
GTTTGATAATGAAGCTGTCTGTGATGATGATTCTTTTCAGGAATTGTTTGATGAAAGTAC
GGATGAATCTACTATCTCTAATTTAATAGATGACTCTGAAAACGTTGTGCAGGGGAATTC
CCATGCATTACTAAATGCACAGCTTTTCAGAGGAATATGACAAAGACCTGGTTACAGTAAA
ACGAAAGTTTTATGCCACCCCGGAAAAGCTCGCCTCTGATTTGAGTCCGAGACTTTCAGC
GGTGCATATAACACCAGAAAGACAATCCAAAAGGCGTTTATTTAGAGACAGTGGGATTGA
AGATGAAGCTGAAAATTCTATTGTTTCAGGTACAGGATGATAGTTCGAATGTGGCGGGAAA
CAAAAATGGCGCTGATGCGGAGTTGTATTCGTTGCTTCATAGCAATAATCGTAGAGCTGC
TTTGCTTTGTAAAGTTTAAAGAAAAATATGGCATTCCATTTAATGAAATTAAGTAACTTT
TAAAGTAATAAGAGTTTACACAAAATTTGATTATTGTAGTTTTCCTGCTGTCAGAAGA
TTAAATTGAAGCTTCTAAAACACGATGCAAAATCATGTTTCCATTATTACAAATGATTAC
TTCTGATTTTTCAGCTTTGTATATTATTGCTTTTAAGGCTGCTAAGAGCAGAGAGACTGT
TGTTAAATTGATTAATAGCTTGCTAAATACAAAAGAGGAACAAGTACTATGTGATCCTCC
TAAAAATAAAAAGTATGGCTGCAGCATTATATTTGCTATAAAAAGGTAATAGCAGATACCTG
TTATAAATATGGAGACTTTTCTGACTGGATAGCCACACATACTGTTATAAATCATCAGCT
AGCAACTGCAGACAGCTTTAAATTTAGTGATATGGTACAGTGGGCATACGATAATGATAT
GCTGGATGAAGCTGCAATTGCTTACAATTATGCGTGCTATGCAAGTGAAAATGAAAATGC
AGCTGCATTTTTTACAACTAATAGTCAATTAAAGTATGTTAAGGAATGTTGTGCAATGGT
CAGGTTATACAAAAAGCAAGAAATGAGGAATATGACTATGCCAGAATGGATTAAATCATG
TTTCACAAATAATTATAATTCTGATGATTGGAAAGTTATTGTAAGATATTTAAATATCA
AAATATTAACCTTTTTTAGAATTTTTGTTAGCTTTAAAGTTACTTTTTAAAGGCATACCTAA
AAAAATGTGCTTAGTTATTTATGGACCACCAGATACAGGCAAGTCATACTTTTGTATCA
ATTTATTCAGTTTATGAGAGGAAAAGTTGTATCCTTCATGAACAAAAATAGTCATTTTTG
GTTAATGCCTTTATTAGATTCAAAAATAGGATTTTTTAGATGATGCAACTCAATGTTGTTG
GATGTATTTGGACACACACATGAGAAATGCATTTGATGGTAATGCAGTTTCTGTTGATGT
GAAACATAAAAAATTTACAACAAATAGTTTACCACCTATGTTAATAACAACAAATTGTGA
TGTATGCAGAGATCCAACGTTTATGTACTTAAGGAGTAGATTAACATGTTTAACTTTCC
AAATAAGTTACCATTGTATGAAAATGGGAGAACCAAAATTTAAATTTACTGATAATTGCTG
GACGTCTTTTTTTTAGCAAGTTTTTGGAAAGCACTTAGATTTACCTGAAGATGACCCAGATGG
AGACACAGGAACTCTGAGCGCACGTTTTCTTGACACAACAGACATTCGAATTGAATCTGA
TTGAAAAAGATTCAAAAAATTTAAAGACCATATAGACTATTGGGAATCTATGAGAAAAG
AACAGTGCTTGCATTTTATGCAAAAAAAGAAAATATGAGCAGGCTTGGATTACAACCTC
TTCCTCCTGCTAAGGTTTCTGAGCAAAAAAGCAAAAGATGCAATTAGAATTCGAATTACTTT
TGCAATCCTTGTATAAGTCTGATTTTGGGTCTGAACCATGGACTTTATCAGAATGTAGTT
TAGAAATGTTAAATGCACCTCCTAGAAATGTTTTTAAAAAACAACCGTTTACTGTAACTG
TGCAATTTGACAAATGATCCTAAAAATGTGTATCCTTATATATGTTATGAATATATATATT
ATCAAGATGATAGAGACAAATGGCATAAAGTTAAAGGTCTAGTGGATCACAATGGCCTTT
ATTTTAAAGAAGTGACTGGTGATTTCAGTATACTTTAAACTCTTCAACCTGATGCCACTG
TATATTGGCAAACTCGGACATGGACTGTTATATTTAAAAACAAAACATATTCATTCCTCTG
TCACTAGCTCCTCAAGGAGATGCGTTTGGGCTGCTGACGAACAGCCCGGCTTCCACAT
CGTACGACAAGAGCCAAGAGGAAAGATCTGGAAGCGGTCAACCAAAAGCCCTACAGGACA
CCGAACCAAGACCTCGACATCAACAGTACGACTTCGACGAGGACGACGAGAAAGAGAAC
ACCATTCCCTACAGACACAGAAAGTCACAATCAGAATTGGGAGCCGACTCTGCGCCAACCTC
CTGAAGAAGTGGGAAGAAGATCTCACACAGTTGCAGCGCATGGTCTGTCAAGACTTAGAC
GATTACAAGAGGAAGCTCGGGATCCACCAGTCCTAATTATTACAGGTCAACAGAATAATC
TTAAATGTTGGAGGTATAGGTTCTCACAAAAATATGCAGATCTCTATGAGTGTTGTAGCT

CTGCATGGAAGTGGTTGGGCCCCAAATCAGAGGGATACAGGGGTGATGCTAAATTGCTTA
TTGCTTTTAAAAATCCTGAACAAAGGCTATCTTTTTTAAACACTGTTGGATTACCCAAAA
ATACTACGTACTCTATGGGACATTTGGACTCTCTATAATGCTTCGACAGCGCAAACGGGC
AAGCCCTACGGACTTATATAGATCATGCTTACAAGGGGGGGATTGCATACCTGATGTTCA
AAATAAATTTGAAGGCAACACAATCGCAGATTGGTTATTGAAAATATTTGGAGGTTTAGT
ATACTTTGGCAATTTGGGAATTGGAACAGGAAGAGGAACTGGGGGTACTTTTGGCTATAG
ACCTTTTGGGGCCCCCTGGGTCTGGAAGGCCAACTCAGGAACTACCTATCGCAAGACCAAA
TGTTGTTATAGATCCATTAGGGCCAGCGCCTATTGTACCAGTAGATCCCTCTGCAGCTTC
AATAGTTCCATTAGTAGAAGGCGCCCCCTGATGTTGGATTTGCAGCTCCAGATGCTGGACC
TGCAGCAGGTGGAACCTGATATTGAATTATATACTATAACAAATTCCACAACAGATGTTGG
TGCTGTTGGTGGTGGGCCCCACTGTTACCTCTAACGAAGAATTTGAAGTAGCTGTTATAGA
TGCACAACCAATTGCACCCTATCCAAAGCAATTATTATATGACTCTACTATAGCAGCAAC
TTTTGAAACACAGATTAATCCCTTCATAAATCCAGACATAAATAATGTTAATGTATTAGT
TGACCCCAGCTTTGCAGGAGACACTGTAGGTGACTACTTTTATGAAGAGATACCTTTGGA
ACGTTTAGATATTCAAACCTTTGACATTTTAGAGCCACCTACTGAAAGCACGCCCACCCA
ATTAGGTAATAGGTTTGTCTTAGGGCAAGAGATCTGTACAGTCGATTTGTTGCACAGCA
GCCAATATCTGAGCCAGATTTTTTGTAGTCAACCTTCCCGCCTTGTTTCAGTTTGAATATAG
AAATCCCGCCTTTGACCCAGATGTGAGCCTATACCTTTGAGCGGGATTGGAAGGCCTCAG
GGCAGCGCCATTGCAGGAATTTGCTGATGTAGTTTATTTAGGCAGGCAAGAGTATCCAG
CACCTCAGAAGGTACAATAAGAGTAAGTAGATTAGGTACCAGAGCAGCTTAAACAACACG
TAGTGCTCTTTCTGTGGGACCTCAGGTACACTTTTATATGGATTTAAGTGATATACCTCC
AGAGGATTCTATAGAGTTGCATACATTAAACGTTACACCACAAACAAGTACAATTGTAGA
TGATATATTAGCAACAACCTACATTTGATGATCCTGCAAACTCCTTATTTACACAGTTTAA
TGAAGATGTATTAAACAGACGATGTTGAACATAATTTTACAGAGTCTCATTTAGTTATACC
AGCTACTGATGAAGAAAATGACACAGCAATAAATATTATTAATTTAAGAAAATATTCCTCT
TACTGTGGGCATGAATTCAGGTGACATATCTACTACATTATCAGATTATAATATTTTAGA
TGCATCCTTGATAGTAAAATCAAATGTTTCTGAACAGCCCCTTTTTGTTTTAGATTATTC
AGATTATGATTTACATCCAGGTCTTCTTCCAAAAGAAGACGCATAGATTATTTTAAAT
TATTTTACAGATGGCTCATTGGTCCTCAACCTCTGGAAAGTTATACCTTCCACCAAGTAC
TCCTGTTGCCAGAGTTTAAAGCACCGATGAATATGTGAAAGAACTGATGTTTACTTTCA
TGCACGCAGTGAGCGTTTACTAATTGTGGGACACCCATATTATGATATAGAAGATGGTGG
AGATATCAAAGTTCCTAAAGTATCAGCAAAATCAATACAGAGTTTTTTCGTTGTGAATTACC
AGATCCTAACAAGTTTGTCTAATTGATACTACATTGTATAACTCAGATACAGAACGTTT
GGTTTGGAAACTAGTAGGTATAGAAGTCGGGAGAGGTGGGCCTTTAGGTGTTGGATCTAC
TGGTCATCCCTTGTTTAAATAAGGTTGGAGACACAGAAAATCCTAGCTTTTACTTAGGTCC
ACAAGAAAAAGATGAAAGACAAAACCTGTCTATAGATCCTAAACAAACACAGTTATTGAT
TGTAGGCTGCAAACCAGCTGTTGGTGAATATTGGGATTTAGCAGAACCTTGTGACAAAAA
CAGCTTAAATAATGGCAAGTGTCTCCAATACAACCTAGTAAACAGTTATATTCAGGATGG
TGATATGGGAGATATAGGATTTGGTAATGCAAACCTTTCCTAAACTACAACAGGACAGAGC
AGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGATTCAATCAGCTTATGGCCTGATCTATTAAAAATGAC
TAAAGATGTCTATGGGGACCATGTGTTTTTCTATGCAAAGCAAGAGCAATTATATGCCAG
ACATTTGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAACCTATACCTAATGTCTCAGGAGTTTA
TAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTA
CTTATATTTTACTACACCAAGTGGATCTTTAAATACAAGCAGTTCACAGTTATTTAATAG
ACCATATTGGATTTCGACAGAGCTCAGGGTACGAACAATTGTATTTGTTGGGGTAATGAGGT
ATTTGTTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGA
TGTC AATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTT
TAATCAGTACAGCCGTCATACTGAAGAATATGAATTAGAATTTATATTTTCAAGTTATGTAA
AGTAGGATTGGATGCTGATATATTAGCTACATCTTAATGTAATGGACCCAGAAATTTTGGGA
AAATTGGCAATTAGCTTATGTTTCCACCAGTCCCAAGTGGTATAGGCGATACTTACAGATA
CTTAAATCTGATGCTACAAAATGTCTGCAAAGACAGTAGCGCCGAAGTAGTAGACCC
TTATAAAGAAATATACTTTTTGGAAATGTCAACCTTACAGAAAAGTTTTTCGTCTGAACCTGA
TCAGTATGCCCTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAG
AACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAAACCAACAAGAGAAAACGTACCAGATAAGC
TGCTGACATGCTTCTTGGCTTTACTGTGAATATTGTACTGTGAATTCTATACTGTGAAT

GCTTTAGATCTGAGTCTTGAACATTTACAAAAATGAATAAACAAATAAAGTTAATGTACA
GGTGTGTGTTGCTTTTGAGTCAGAGTTATTTACTCCCGCCCTTTGTAGTATAAATATGTT
GCACCTCTGTGATCAATCATGTTGACCAGCTGGACGTGCTGTACACCGGTCACTTTAAGA
GAGACACGACCGTTTTTCGGTAAGTTTGTATGCCTTTAGGGAATATAAAGCGACCGAAGTC
GGTACTTGCTAACAAAGATAAAAATCTCACGAGTTAGAACAACCTCTGAGTCACCTCAGT
GCAGCTGGCAGAAGAAAGTATACCGATATCGGTTGCTATGTTTT
>gi|9628542|ref|NC_001690.1|_Human_papillomavirus_type_48,_complete_genome
TCTGACGCATAATAATTGTTGGCAACAATCGTGCATAATAACTTAGGAACCGAGACAGTA
TCATATAAAATACTGCTGAACAGTAGATTTCTTCAGAAGCTGATGGAGCCACAATTTCCCTA
CTGATTTGGATTTCATACTGCAAATATTTTAAACATAAGCTTTTTTGAAGTTAGTTCTTAAGT
GTATCTTTTGTAAATTTTCTGTATCTATTGTTGATCTTGCTTCTTTTCATAACAAACGAC
TGTCTGTAATTTGGAGAGATAATACACCATTTGCATGTTGTACTAAATGTTTAAGATTAA
CTGCATTATATGAAAAAGATAATTTTTTTGTCTGTACTGCAAAAAGTCATTTGTTAACTG
GTTTAGTTAAAAAGGAATTGTCAGATATTAATATTAGGTGCCAACATTGTTATTCATTTT
TAGATTATTTAGAAAAGTTGTACCATTTATATAATGATGTTGATTTTCTGTTAATTCGCG
GGACTTGGAGAGGTGTTTGTAGAAATTGTATCAGCCATGAGGGGAGATAAGGCTACTATT
CCTGACATAGAGTTAGAAGAGCTTGTTTTGCCTGCTAACTTAATTTCTGACGAGTCATTG
TCACCAGATGCTACTGCAGAGGAGGAGTTTGTCCGTACCGGATAGACTCCAAGTGTCAC
AATTGTGGCTGTCGCATAAGGGTGACAGTCGCTGCAACTGAATTTGGAATACGTTGTTTT
GAGCAACTGTTACTGAAAAGAGCTTTGTTTATTTTGTCTGCTGCCAGACAACCTCCC
CGCAATGGCAGTATCATAAAGGTACTGATAATATTGATCATAATGATGTTTGTAGATGGGTC
TTGGTGTTTAAATACTGAAGCTGAATGTGAGGACGATACGTTAGTGGATTTGTTTGAGGA
GAGCACAAATGACTCTGTAGTTTTCGAATCTGTTAGACGATTCCGAAAAGTATAATTCAGGG
GAATTCTGAGGAAAGTGACCGCTGTATTCAGGAGCTAAAAAGAAAGTTAAATGTTACTCC
TGAAAAACAGATCTCAGAGCTAAGTCCGCGGTTATCGGCAGTGCATATAACGCCTGAGAG
AGCATCTAAGCGGAGACTGTTTAATGATAGTGGAGTTGTTGAAGATGAAGCTGAAAGTAA
TACTATTACAGGTAGATTCACTGTTGGTGCAAAAAGACGCGGGAAATCAAAATGGCGCTGA
GTGTGAACTTAATTTCTATTTTGCCTAGTAATAATATCAGAGCTACTGTACTTTGCAAATT
TAAAGATAAATTTGGGGTTTCATTTAATGAGCTTACAAGAAGTTTTAAAAGTGATAAGAC
ATGTACACCAAATTTGGGTAATAACAGCAATAGGTATTAGAGAAGATTTACGAGATGCTTG
TAAAGTTTTATTACAGCAACATGTTGAGTTTTTAGAAATGATTTGCAATGATTTTTCTGT
GCTACTATTGGTAGAATTTAAGGTAACATAAAATAGAGAAACGGTTTTAAAGTTAATGTG
TAGTATGTTAAATGCTAAAGAAGAACAAATTTTGTGTGAACCGCCAAAATGAAAAGTAC
AGCTGCAGCTTTATATTTCTATAAGAAGATTATAACTGATACATGTTTTAAATATGGCAC
TTTGCCTTCTGGGTTAGTAGATTAACATATAGTAGAACATCAGTTAGCTTCAGCAGACAC
ATTTTCATTATCTGAAATGGTACAATGGGCTTATGACAATGATTTTACTGAAGAAGCATC
TGTTGCTTATAATTATGCATGTTATGCCACAGAAAATACAAATGCAGCAGCCTTTTTTAGC
CAGTAATATGCAAGTTAAGTATGTTAAAAGATTGTGTAGCAATGGTTAGAATGTATAAAAG
ACAAGAAATGAAATCAATGACAATGTCAGAGTGGATTTCCAAATGTTGTAAAGAAGAAAC
TATTGGTGAAAGAGTGGAAGAAATTTGTACAGTTTTTTAAAATATCAGGGAGTAAACTTTTT
AGAATTTTTAATAGCTTTAAAACAATTTTTTAAATGCACTCCTAAAAAGATGTGTATAGT
AATATATGGTCCACCAGATACTGGAAAGTCAATGTTTTGTTTTAAATTAGTACAATTTTT
GAAAGGTCAAGTTGTATCTTATATTAACAAATCGAGTCAGTTTTGGTTAATGCCATTACA
AGATGCTAAAAATTGTTTTGTTAGATGATGCCACACATAATTGTTGGATTTATTTAGACAC
ATATTTGAGAAATGCATTTGATGGTAACACGTTTTGTTTAGATATTAAACATAAAAACCT
GCAACAGACAAAACCTTCCACCTATGATAATACTACTAATGTTAATGTAACAACTGATGA
ATCTCTATTTTATTTGAGAAGTAGACTTACGTGTTTCAATTTTCCGAATAAGTTACCAAT
GTCTGACAAAGATGAACCTTTGTTTACCATTTCTGACAAAAGCTGGACCTGTTTTTTTAG
AAAGTTTGGAAATCAATTAGAACTTCAAGAAGATGCAGCCAGAGACCCAGGAGAGCCTGA
GCACCCGTTTGTGTCACAGCAAGAAATTCAGTTGACTTTGATTGAAAAAGAATCTTATG
ATCTTAAAGATCATTTAGCATACTGGAAGCTGTAAGATTAGAAAATGTTATTGCCTATT
ATGCTAGAAAAAGACATATTACTAAATTAGGTCTGCAGCCATTACCAACATTAGCTGTAA
CTGAATATAAAGCAAAAGAAGCAATTAATATACAGCTGCTTATTCAAAAGTTTATTGAAAT
CAGAGTTTGCTTTGGAAAGATGGACTCTTGACAGAACTAGTGCAGAACTATAAACAGTT
CCCCCAGAAATTGTTTCAAAAAGTACCTTTCATTGTAAATGTATGGTTTGATAATGATG

AAAGAAATTCTTTTCCTTATACCTGTTGGGATTTTATATATTATCAAGATGACCAAAACA
AATGGCACAAGACTGAAGGGCTGGTTGATCATAATGGATGTTATTATGTAGATCTAAATG
GTGATTTTGTATACTTTACTTTATTTCAACCTGATGCTGTAAAATATGGAAAACTGGAC
TATGGACAGTTAGATTTAAAAACAAAACCTATTTCTGCCTCTGTTACTAGCTCCTCGAGAA
ATACAAATCCCTCTTCTGAAAGCAGGGTCTGGGCTCTCGACCTCCAGCAGCTCGGAGAGCC
CTCGAAGGAGACCGAGCATCTCAGAAAACCTCAACACCGAGTCGCCCACCTCCTCGACAT
CCAGACTACGAGAGCGACGACGACGAGAACCGAGAGAATCTGGAACCACCGACACCACAC
CCAGAAGACGAGGAACAAAGAGGAAATTTGGGGTCCGACTCTGCACCAACTCCTTCGGAAG
TGGGATCAAGATCTACAACGCTTGCAAGACACGGTTACTCACGACTTGGACGATTACAGG
AAGAAGCTCGGGATCCGCCATTAGTGTTATTTACAGGTCAACAAAATAATTTGAAATGTT
GGAGAAATCGCTGTACTACAAAATATGCTAGTTTATTTTTATGCTTCAGCTCTGTTTGGA
AGTGGCTTGGTCCTAATTCTGATGGGGGTGCTGCAAAAGTGTTAGTTGCATTTAAAAGTG
ATGCCCCAAAGACAAGTGTTCTTAAACACAGTTCATATTCCTAAAGGAACTACTATAACTC
TGGGAAGACTTGACAGTTTATAATGTCTTACGTAGAAGAAAAAGAGCAAGTCCTACTGA
TCTTTATAAAACATGCTTGCAAGGGGGGGACTGCATTCTTGATGTTAAAAATAAATTTGA
AAATTCTACTATTGCAGATTGGTTATTAATAATTTTGGAAAGTTTGGTATATTTTGGAAA
TTTGGGAATAGGATCTGGAAAAGGGTCTGGGGGATCATTTGGATATAGACCATTAGGATC
CGCAGGAAGTGGAAGACCAGCCACAGACTTACCAGTGACTAGACCTAATGTTGTGATAGA
ACCTATAGGTCCCTCAAAGTATAGTACCCATTGATCCTGGAGCGTCATCTATAGTCCCTCT
TGTTGAGGGAGGGCCTGATATATCTTTTATTGACCAGATGCAGGTCCAGGTATAGGAGG
TGAGGATATTGAACCTATTACCTTTAGAGATCCAGCAACTGATGTAGGTGGTGTAGTGG
AGGTCTACTACTATTTCTACAGAAGAAAGTGAGACAGCTATAATAGATGCTTTACCAAG
TGCCACAACCTCCCAAACAGTTGTTTTATGATTCTTATACACAAACTATCTTGCAAACACA
GGTAAACCCATTTTTTAAATAATGCTATTAGTGATACTAATGTGTTTGTAGATCCATTATT
TGCAGGAGAGACAATTGGGGACAACATATTTGAAGAGATACCCTTGCAGAATTTAAATTT
CAGTTTTCCGCGGGAAAGTACACCTGTTAAACCTGGGAGGGGTTTACGAACACCAGCTCA
AAGATCTTACAGTAGATTTATGGAACAGTACCCAATCCAAGCTCCGGAATTTCTTAGTCA
GCCTTCTCGATTGGTGCAGTTTGAGTTTGAAAATCCCGCCTTTGATCCAGATATTAGTAT
ACAGTTCCAGCGTGATGTAAATAGCCTAGAGGCTGCGCCAAATCCAGCTTTTGCTGACAT
TGCTTATTTAAGTAGGCCGCACATGTCTGCTACATCAGAAGGATTAGTCAGAGTCAGCAG
AATTGGATCTCGAGCAGTATTACAAACCAGGAGTGGATTAACTATAGGCCCTAAAGTACA
TTATTATATGGATTTGTCTGCAATATCAACAGAAGCTATAGAATTGCAAACCTTTGCAGA
TTCTGGACATGTTACACAATAGTTGATGATTTCTTATCAGTTACTGCTTTAGATGATCC
AGCAAATATAGCTGATATAAATTATACAGAAGATGATTTATTAGATCCTTTACTTGAAAA
CTTTAATAAATTCACATATTACAGTACAAGGGGTTGATGAGGAAGGAGAAACAGTTGCTCT
TCCAATTCCCTCAATTACTAATTCTTCCAAAACTTTTGTTACAGACATTGCAGAAAATGG
TCTGTTTGCAAATGATACAGATAGTCTTTTAACCCAGCAAGCACTATTGTACCTGCTAT
TAATTGGTTCCCTTTATTTGATAGTTACTCAGACTTTTGCTTTAGATCCCTTTTTTTATTCC
ACGTAAGAAAACGACGCTTAGATATCCTTTAATGTTTTTCAGATGGCTCTGTGGTCTGCAG
TCCCTGGCAAGGTTTACCTACCTCCTAGTGCAACCAGTAGCTCGTGTGTTGCGCACTGATG
AATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTG
GTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACCTAAAGTTTCTGCTA
ATCAATACCGAGTATTTAGATGTAAACTCCAGATCCTAACAAGTTTGCTCTAGTTGATA
AAAATTTATATAATTCAGATAAGGAACGTTTAGTTTGGAAACTTGTTGGTTTGGAAAGTAG
GCAGAGGGGGTCCCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCTTTACTAAATAAGATAGGGG
ACACAGAAAAATCCTAGCTTTTATTTAGGAGAACAAACAAAGGATGAGAGACAAAATGTTT
CCATGGATCCTAAGCAGAGTCAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAAT
ACTGGGATTTAGCTAAACCATGCAATGATTTGGAAAACGGGGCTGCACCACCAATTCAAC
TAGTTAATACTGTTATTTCAGGATGGTGATATGGGAGATATAGGCTTTGGGGCTGCTAATT
TTCCTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATTAGTA
TATGGCCAGATTTTTTAAAGATGACCAAAGATATTTATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTG
GTAAACGGGAACAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGC
CTATACCAACAGAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACA
GATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAACACCAAGTGGATCCTTGAATACTA
GCGATTCTCAGTTATTTAATAGGCCTTATTGGCTTAGACGAGCCCAGGGAACAAATAATG

GCATTTGTTGGGGAAATGAGCTGTTTATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATT
TTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAAGTAACTGAAAACCTACATAGATAATGGTT
ACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAG
AGTTGGTTTTTTCAGTTATGCAAAGTGAAGTGGTACTGACAGATGTTCTGGCACATTTACACG
TTATGAATCCCAGAATATTAGAGGAGTGGCAATTAGCTTTTTGTTCCACCAGCTCCAACGG
GCATTGAAGATACCTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAAC
CAGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGC
GCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTTCCCTTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAACCTGGTT
TGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTA
CAAAGCGTAGGAGAGTAAGATAGTAAAGATGTAGAATGTTTACATTATTAATACTGTGAA
TCAAACAAACTGTGATCAATAAACTGTGAATATTTTACCGTGGTGTCAATTTATACGCC
TCCATTGGGTGGGTTCTGACCTATAAACTCCTGGGTGAGTCAATTTGGTGCAGCAGACGCTG
AGGAGCAGCAGACGATTCAGACGTCCATTTGTGAGACGAAGACCGTTTTTCGGTAAGTTTC
ATAGCCGCCAGGTATTGTTTGTACCGATACAGTTACACCTTAAATGTACTGCCAACTTT
TACAAGTTCAGACAGAGATCAACAAGATATCTTAAACAGTACCTAAAGCGGTACTGTAC
CGTTTGTGGTATGTTGATGC

>gi|9628486|ref|NC_001683.1|_HumanPapillomavirus_type_24,_complete_genome

GCGCCAAGTTTCTTGGCACTCGCACAGCACCGTTAACGGTAAGTGTGTTTGTATACTGTAC
CGGGCGCGATACCAAATATGCCACCTGCGCAATTGTTGTTAGCAACTACTTTCATTACCT
AACAAGATTATTTTCATGCACCTTTCCGTATCAGTGTGAATGTATTTATTGATTAGACATA
TAAAAAGGAAGACATCTTGATGGCTCAACAGGTAAACCTCAGTCAGTGTAGAACTTAG
TAGATTATTAAATATACCATTAGACGATTGTGTTGTACCATGTAACTTTTGCAAAAGATT
TCTAAGTTATACAGAGTTAACTGACTTTGACACCAAATGCTTAAGTTTGATTTGGAAAGA
CGATTTTGTGTTTGCATGTTGTAGATATTGTTGTGTTGCTACAGCAGCATTTGAATTTGA
AAATTATTTTGTAGAGAGTGTGATAGGTTGGGAAATAGAACAAAAAGAAAATACACCTCT
TTCGGACATTATTGTAAGGTGTACCATTGCTTAAATTAATTAATCAAATGAAAAGCT
TGATATCTGTGGAAGATCTGAATTATTTCTATAAAGTGAGGAGGGGCTGGAAAGGACTCTG
TAGGCAGTGTAAAGCAGATATAATGATTGGAAGAGAGTCACTCTACAAGACATTGTCTTA
GAGTTGACTGAGCCACAGACTGTTGATTGCACTGTGAAGAGGAGTTGCCAGAGCAGGAT
ACGGAGGTGGAGCCTGAAAGAAGAGCTTACAAAATAATACTTTGTTGCGGCGGCGGTTGT
GGAACCCGGCTTCGATTATTTGTAGCAGCAACACAGTTTGAATACGTGGCCTGCAAGAC
TTACTGCTAGAAGAGGTGGTCATTTTGTGTCCCAGTCCGTAACAGCGATCTGCAGCAT
GGCGGACAATAAAGGTAGTGAACAGACGGGTTGCATGAATGGTGCTTATTAGAAGCTGA
CTGTAGTGATATTGAAAATGATTTGGACACATTGCTTGAGCAAAATTCAGATTCTGATGT
ATCAGATCTTATAAGTAATGATGGGGACTTGGAACAGGGAACTCCCGAGAACTGTTTCA
ACAGCAGGAGTTAGAGGAGAGCAATGCTTTGTTGCAAAGTCTAAAACGAAAGTATATTAG
TCCTAAAGCTGTATTACAGCTGAGTCCACAACCTGAATCCATTTGCTGTCATCAGACCA
TAAACTAAGAGGAAATTGTTTGTGAGCAGGACAGTGGAGTAGAATTGACCCTTACAAA
TGAAACTGAAGATGTTACTACATTGGTGCAGCAGGAGGAAGAGGTACCAGCTTTAGAGAC
ATCTTCCACCAGTAACCTTAAGGAAGGAAGATAATGCACATTATAAAGAACTTATGCGATG
CAGTAACTTAAAGCTACCTTACTATCAAAATTTAAAAATGCTTTTGGTGTAAGCTTTGT
TGAAGTGAAGTCCAGTTTCAAGTAATAAGACTTGTGTAATGATTGGGTGGTAGCAAT
ATATGGTGTAATTTATGATTTATTTGAAAGTTCTAAGCAATTACTACAACAGCATTTGTGA
TTATATTTGGGTTACAGAAATGTCTGCAATGTTTTTATATCTGTTGTGTTTCAAGGCTGG
CAAAAATAGACAACTGTTATAAGGTTATTAGTGTCTATGTTATATGTGGCAGAGGAGCA
AATTTTATCAGAACCTCCAAAATTGCGAAGTACAGTGTGAGCTTTATTTTGGTATAAAGG
TAGCTCAAATGCTGCTACCTTTACACATGGGTCTTATCCTAAATGGATTATAGAACAAC
ACTGATAGGACATCAAACAGGAGAAGCTGCAACGTTTGACATGTCCACAATGGTACAATG
GGCTTTTGATAATGATCTCACAGAGGAAGCTGACATAGCTTTTCAATATGCAAAGCTGGC
ACCTGTGATGTAAATGCAACTGCTTGGTTGGCTCACAATAATCAGGCGGTTTTGTAAAG
AGAATGTGCTAATATGGTTAGATATTATAAAAAAGGTCAGATGCGAGAAATGTCTATGTC
GGCATGGATCCACTTTAAATTAGAGCAAGTAGAAGGGGAAGGGCAGTGGTCAACTATTGT
AAAATTTATTAGGTATCAGGGTATAAATTTTATTAGTTTTTTAAGTGCTTTAAAGATTT
TTTACATGGTAAACCTAAAAAGAATTGTTTATTAATATATGGCCCTCCAAACTGGA
ATCAGCATTTACTATGTCATTAATTAAGTGTTGCATGGCAGAGTAATATCATTTGTAA

TTCTAAAAGTCACTTTTGGTTGCAACCAATGTCTGAAGCCAAAATAGCTTTACTTGATGA
TGCTACTGATCCATGTTGGATATATATGGATACATATTTAAGAAATGGTCTTGATGGACA
CTTAGTTTCATTAGATTGTAAGCATAAAGCACCTATACAAATACGCTTTCCTCCATTACT
TATAACATCTAATATTAATGCAATGGCAGAACCTAACTATAGATATTTACACAGTAGGTT
AGTAGCGTTTGAATTTCCCTAATCCCTTTCTTATGAAAGATGACGATACCCCTGAATTTGA
ACTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTTAAAAGGCTTTGGAGACAATTAGACCTCAG
TGACCAAGAAGACGAGGGAGAGGATGGAGAACCTGAAAAAGCGTTTCGATGTGTTGCAAG
ATCTACTAATGAACATTTATGAACAAGGCAGTGATACACTAGAATCACAAATTTGAACATT
GGCAGGCCTTGCGAAGAGAGGCAGTGTTACTTTATTATGCTAGACAAAATGGGGTGCTGC
GGCTGGGTTACTTACCAGTTCACCACTAGCTACCTCAGAAGCCAAAGCTAAACAGGCTA
TTAGTATGGTGTTGCAGCTGCAATCTTTACAACAATCTCCTTATGGCACAGAAAAGTGGA
CACTGGTGGACACAAGCATAGAAACCTTTAAAAATACTCCAGAGAACCATTTTAAAAAAG
GACCTATAAATGTGGAGGTTATATATGATGGTGATCCGGACAATGCCAATTTGTATACTA
TGTGGAAATATGTATATTATATGGATGATAATGACCAGTGGCAAAAACTGAAAGTGGCG
CCAATCATACAGGCATATATTATTTAATAGGGGAGTTTAAACATTATTATGTGCTGTTTG
CTGATGATGCCAATAGATACAGTAAATCTGGCCAATGGGAGGTGAGGATTAATAAGGAAA
CTGTGTTTGCCCTGTCCACAGCTCCACACCACCCGACTCCCCAGGAGGGTCCCGAGAAC
TACCCGGATCCACCGCTAACTCCAAGGCCTCAAGCCCAACCCAACAGCCACAACAAGCCT
GTAGTGACGAAACAACAGCGGAAGAGGTACGGGCGAAGGGAGTCAAGCCCCACTGACT
CCAGATGCAGACACAGCATCTCGTCCCGGCAAAAGAAGCAAGGGCGACGAGCACGGTCCC
GCACCCGCTCGCGCTGCAGCTCCACTCAAATCGATCTAGATCCACCTCAAGGAGGTCCA
GATCAACCTCCAGGGGCAACAGGAGGTGTAGGGGAGACACCCCCAGAGGGCAACGAGGAG
TCTCAACCTCCTCCAGGGGAAGGGGAAGGGGCAGTAGAAGGTCATCCTCCTCCTCCTCCC
CCACCCCCAGAACCAAAGCCTCACAACGGGGATGCGACACACGGTCTGTTAGGGACAGTG
GCATCTCTCCTGGGGACGTGGGAAGAAAAGCTTCAGACAGTTAGTGGAAGAAATTCAGGAA
GACTTGACGATTATTGGAGGAGGCTCTCGATCCCCCAGTAATTTTACTTCGTGGGGGTG
CTAACACATTAAAATGTTTTCGCAACAGGGCAAAGCTTAGATATAGAGGACATTATAAAG
CATTTAGCACATCTTGGTCATGGGTAGCTGCAGATGGCACAGAGCGTCTAGGCAGGTCCA
GATTGCTCGTCAGTTTTACCAGTTTTAAGCAGCGAAGTGGGTTTCTCGACCTAGTAAGAT
TTCCTAAGGGTGTAGATTGGTCACTGGGAAGTTTTTGATAAACTGTAAGTACTAACATAGC
TTTTTGCTACTAACACACATATAACCTATTTTTTACTTTTTTGTATGCTTTGCAATGGTGCGT
GCTAAAAGAACAAAACGAGATTCTGCTACTAATATTTACAGAACATGCAAGCAGGCGGGC
ACATGTCCACCTGATGTTATTAATAAAGTGGAACAGTCAACCATTGCTGATAATATACTT
AAATATGGAAGTGCTGGTGTCTTTTTTGGTGGCCTGGGTATTAGTACAGGCCGAGGGACT
GGAGGCACCACAGGATATGTGCCATTGGGTGAAGGTACTGGAGTTCGTGTGGGCAGTACA
CCCACAGTCGTTTCGGCCTGCCCTTGTGCCTGAAGTAATAGGTCTGCTGACTTATTACCT
GTTGATACAATAGCCCCTGTTGACCCAGCATCGTCATCTATAGTTCTCTTACTGAATCA
TCAGGTGTAGACCTTTTACCTGGTGAAAATAGAAACAATAGCAGAAGTACATCCTATACCT
GATGTGCCCACATTTGATACTCCAGTAGTGACAACAAGCAAAGGCTCTAGTGCCATTTTA
GAAGTAGCTCCTGAGCCTACTCCACCGACACGTGTTTCGTGTCAGCAGAACACAATACCAT
AATCCAGCATTTTCATATTATTACAGAATCTACACCAAGTCAAGGTGAGAGTTCATTGTCA
GACGAAATAATTGTCGCCTCTGGTGCAGGTGGACAATCAGTAGGCGTTTCTGAAAATATA
GAACTGCAGGATTTATCAAATAGATATTCCTTTTGAAATAGAAACACCAACACCACCAAGG
CGTAGCAGTACCCCATTAACAAGAGCTACACAAGCATTTAGACAAAGATCACTTACAAAT
AGGAGACTGTTACAACAAGTGCCCTGTTGAAGACCCTTTGTTTTTAACTCAACCATCTAAA
TTGGTTAGATTTGCATTTGAGAATCCAGCTTTTGAAGAGGAAGTAACACAGGTATTTGAA
CAAGACCTTGACAGTTTTGTAGAGCCTCCTAACAGAGATTTTTTAGATATTGCAGAACTG
GGAAGGCCTAGATTTTCTGAAACACGCGAGGGTTATGTTAGGTTAAGCAGATTGGGTCTG
AGAGCAACTATTAGAACAAGGCAGGAACACAAATAGGAGCACAAAGTACATTTTTATAAA
GATCTAAGTCTATTATAACTGAAGCTCCTATTGAGTTGGATCTTTTAGGGCAGCATTCT
GGGGATGCAACTATAGTTTCATGGGACTGTAGAAAGCACATTTATAGATACTAATATAGAG
GAAAATCCTTTAGCTGAACAAATGGAGTTGGAAATTGATACTTATCCTGAAGCTCATTCA
TTTGATGCTTTGTTAGATGAAGCAACAGACGATTTTAGTGGTTCACAGTTAGTTATAGGC
AATAGAAGATCCACTACATCATATACTGTTCCCTAGATTTGAATCCCCAAGAAATTTCTTCT
TATTATGTACAGGATTTGCAGGGATATTATGTAGCCTATCCTGAATCTCGCGATAAAATA

GAACTTATTTATCCCTCACCCACATTACCTGCAGTTGTCATACATACAGAAGATAGTAGT
GGGGACTTTTATTTACATCCTAGTTTATTGCAAAGGCGCAGACGCAAACGAAAATATTTG
TGATTTTACAGATGTCGGTGTGGTTGCCAGCCAGTGGTAAGGTATATTTGCCACCATCA
ACACCTGTTGCGAAAGTTCAAAGCACGGATGAATACATACAGAGAACAAACATCTTCTAT
CATGCTTATAGTGACCGCCTATTAAGTGTAGGACACCCATATTTCAATGTTTACAACAAT
GATGGCACAGTATTAGAGGTCCCTAAGGTTTCAGGAAATCAACACAGAGTTTTTAGGCTT
AAATTACCAGACCCTAATAGATTTGCTTTAGCAGATATGTCCGTATATAATCCAGAGAAG
GAAAGATTGGTATGGGGTTGCAGAGGAGTAGAAATAGGTAGAGGACAACCATTAGGTGTT
GGGACAAGTGGACATCCATTATTTAACAAGTGAATGACACAGAAAACCTGTATCATAT
AGGACACAAGCATCGTCCACAGATGATAGACAAAATACCTCATTTGATCCTAAACAAATT
CAAATGTTTATTATAGGTTGTGCACCCTGCATAGGAGAACATTGGGAAGTAGCTGAGAGG
TGTGCTGGTGATAAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTCAGTA
ATTCAGATGGTGATATGGCAGATATTGGTTATGGGAATTTAAATTTTAGAACACTACAA
CAAAGTAGATCAGACGTAAGTTTGGATATTGTAAATGAAACCTGTAAATATCCAGACTTT
TTAAAAATGCAAATGATGTTTATGGAGATTCTTGTTTTTCTTTGCTCGCCGTGAGCAA
TGTTATGCAAGACATTTTTTTGTACGAGGAGGTAAACCAGGGGATGACATACCTGGTGAG
CAAATTGATGCAGGGACCTACAAAAATGACTTTTACATTCCAGCAGCCACAGGTCAGACA
CAAAAAAATATTGGCAACTCAATGTATTTCCCAACAGTCAGTGGCTCATTTGGTATCTAGT
GATGCTCAATTATTTAATAGACCATTTTGGTTACAGCGTGCACAAGGTCATAATAATGGA
ATTGTGTTGGGCTAATCAATTGTTTCATTACGGTAGTAGATAACACCAGGAACACCAATTTT
AGTATAAGTGTATACACTGAAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAAT
AAATTTAGGGAATATCAGAGACATGTAGAAGAGTATGAAATTTCACTTATACTGCAGCTA
TGTA AAAATCCCTTTTAAAGCAGATGTGTTAGCACAGATCAATGCTATGAATCCATCTCTA
TTGGAAGAGTGGCAGTTAGGATTTGTGCCTGCACCAGACAATCCTCTTCAAAGTACCTAC
AGATATATAGAAAAGTTTGGCAACACCTTGTCCAGATAAAGTAGCTCCAAAAGAAAGAGAA
GATCCTTATGCCCCTTATACGTTTTGGAATGTAGATTTATCTGAACGCTTATCTTTGGAA
CTGGATCAATATTCCTTAGGACGAAAGTTCCCTGTTTCAAGCGGGTCTTGTACAAAAACA
TCTAAAAAACATCTAATGTATCCAAGGGGACCAAACGAAACGCACGTAAAATAAAGGC
TGTTTTACCGTTTTCGGTACAATATATGTGTATTTCCAAGAATGCTTGTTATTCATGTGCGT
GACTAATTTGAACTTTGGCTTGAATGTCAACCGCACCCGGTACAAGTAGATAAAATCTTG
CTACCACAGCAGACACAAAGGAATCACTGTGCGTCTCAACACGCTCGGATTTGGCGCATT
CAACCGTTTTTG

>gi|9626063|ref|NC_001356.1|_HumanPapillomavirus_-1,_complete_genome

GTAACTACCATCATTCATTATTCTAGTTACAACAAGAACCTAGGAGTTATATGCCAGAA
GTAAGCCTATAAAATACACAGGTAAGACTCTGCACAGGACCAGATGGCGACACCAATCCG
GACCGTCAGACAGCTTTCCGAAAGCCTCTGTATCCCATATATTGATGTTTTATTGCCTTG
TAATTTTTGTAAATATTTTTTGTCTAATGCTGAGAAGCTGCTTTTTGATCATTTTGATTT
GCATCTTGTCTGGAGAGACAATTTGGTGTTTGGATGCTGTCAAGGGTGTGCTAGAACTGT
TAGCCTATTGGAGTTTGTTTTATATTATCAGGAGTCTTATGAGGTACCGGAAATAGAAGA
AATTTTGGACAGACCTTTATTGCAAATTGAACTCCGTTGTGTTACATGCATAAAAAAACT
GAGTGTGCTGAAAAATTGGAGGTTGTGTCAAACGGAGAAAGAGTGCATAGAGTTAGAAA
CAGACTTAAAGCAAAGTGTAGTTTGTGTGCGCTTGTATGCTATATAACAATGGTGGGCGAA
ATGCCAGCACTAAAGGACCTGGTTCCTCAACTTGAACCAAGCGTCCTAGATTTAGATCTT
TATTGTTACGAGGAGGTGCCTCCTGATGACATAGAGGAGGAGTTAGTGTGCGCTCAGCAA
CCTTATGCTGTGCTTGCCTTCCTGTGCCTATTGCGAGAACTGGTTCGATTGACCGTCCTC
GCGGATCACAGCGCCATTAGACAGCTGGAGGAACTCCTTCTGCGATCTTTGAACATCGTG
TGCCCACTGTGCACCCTACAGCGACAGTAAAAATGGCAGATAATAAAGGTACTGAAAACGA
TTGGTTTTTGGTGGAGGCGACAGATTGTGAGGAAACGTTAGAGGAAACCTCACTTGGTGA
CTAGATAAATGTTCTTGTGTAGCGACTTATCTGATTTATTAGACGAGGCGCCGCAAAG
CCAGGGGAATTCCTGGAATTGTTCCACAAGCAAGAATCGCTGGAAGCGAACAGGAACT
TAATGCTTTAAACGAAAGTTACTTTACAGTCCCTCAGGCGAGAAGCGCGGACGAAACAGA
CATTGCTAGCATTAGTCCTAGATTAGAACTATTTCTATTACAAAGCAAGACAAAAAAG
GTATCGAAGGCAACTGTTTTCTCAGGATGATAGTGGTTTAGAGCTATCGCTGCTTCAGGA
TGAAACTGAAAATATTGATGAATCGACACAGGTAGATCAACAGCAGAAAAGAACATACTGG
GGAAGTTGGGGCCGCTGGGGTGAACATTTTGAAAGCTAGTAATATCCGCGCCGCATTATT

AAGCAGATTTAAAGATACGGCTGGCGTCAGTTTTACAGACCTGACGCGGTCGTACAAGAG
CAACAAAACCTGTTGTGGAGATTGGGTTTTGGCAGTTTGGGGTGTCCGTGAAAATTTAAT
TGACAGTGTAAGAATTATTGCAAACCCATTGTGTGTATATTCAATTGGAACATGCAGT
AACTGAAAAAATAGATTTTTTATTTTTATTGGTACGATTTAAAGCCCAGAAAAGTAGAGA
GACTGTGATAAACTTATAACCACAATTCTTCCAGTTGATGCTAGCTATATTTTGTCTGA
GCCTCCAAAATCAAGAAGTGTGGCTGCTGCATTATTTTGGTATAAAAGATCTATGTCTTC
AACTGTTTTTACATGGGGTACAACCTTTGGAGTGGATTGCACAGCAAACCTTATTAATCA
TCAGTTAGATTCCGAAAGTCCCTTTGAGCTTTGTAAAATGGTTCAAGTGGGCCTATGATAA
TGGACATACAGAAGAGTGTAAAATTGCATATTATTATGCTGTTTTAGCAGATGAGGATGA
AAATGCAAGGGCATTCTAAGCTCTAATTCACAGGCAAAATATGTGAAAAGCTGTGCACA
AATGGTAAGACACTATTTACGTGCTGAGATGGCACAAATGTCTATGTCAGAGTGGATTTT
TAGAAAAGTAGATAATGTAGAAGGTTCTGGTAATTGGAAAGAAATTGTAAGATTTTTAAG
ATTTCAAGAAGTTGAATTTATAAGCTTTATGATTGCATTTAAAGATTTGTTATGTGGTAA
GCCAAAGAAAACTGTTTTGTTAATATTTGGACCTCCAAATACAGGAAAAATCAATGTTTTG
TACAAGTTTATTAAAGTTGTTAGGAGGGAAAGTGATTTTACTGTAAACAGTAAAAGTCA
GTTTTGGTTGCAGCCTCTGGCTGATGCTAAGATAGGGCTATTAGATGATGCAACAAAGCC
ATGTTGGGATTATATGGACATTTATATGAGAAATGCATTGGATGGTAACACTATTTGTAT
TGATTTAAACATAGAGCTCCTCAACAAATTAAATGCCACCTTTACTTATTACTAGTAA
TATTGATGTTAAATCAGATACCTGTTGGATGTATTTGCATAGATAATCAGCTTTTAA
ATTTGCTCATGAGTTTCCATTTAAAGACAATGGTGATCCAGGATTTTCCCTAACAGACGA
AAATTGGAAATCTTTCTTTGAAAGGTTTGGCAACAGTTAGAATTAAGTGACCAAGAAGA
CGAGGGAAACGATGGAAAACCTCAGCAGTCGCTTAGACTTACTGCAAGAGCAGCTAATGA
ACCTATATGAACAGGACAGTAAATTGATAGAAGATCAAATTAAGCAGTGGAATCTAATTA
GACAAGAACAAGTTCTTTTCCATTTTCGCCAGAAAAATGGGGTAATGAGAATTGGATTGC
AGGCAGTTCCATCTTTAGCGTCCTCAGAGGAGAAGGCAAAGACAGCTATTGAAATGGTGT
TACATTTAGAGTCTTTAAAGGACTCACCTTATGGCACAGAGGATTGGTCACTTCAAGACA
CTAGCAGAGAGCTGTTTTTGGCACCCCCAGCTGGCACCTTCAAGAAGAGTGGCAGCACAC
TTGAGGTTACCTATGACAATAACCTTGATAATCAGACAAGGCACACAATTTGGAATCATG
TGTATTATCAAAATGGGGACGATGTATGGAGAAAAGTATCCAGTGGTGTGATGCTGTAG
GAGTGTACTATTTAGAACACGATGGCTATAAAAATTATTATGTGTTATTTGCTGAGGAGG
CCTCTAAGTACAGCACAAACAGGACAATATGCTGTAAATTACAGGGGTAAAAGGTTTACAA
ATGTTATGTCTTCCACTAGCTCCCCAAGGGCTGCTGGGGCTCCTGCAGTACACTCCGACT
ACCCAACCTATCCGAGAGTGACACCGCCCAGCAATCGACGTCCATCGACTACACCGAAC
TCCCAGGACAGGGGGAGACCTCGCAGGTCCGACAAAGACAGCAGAAAACACCTGTACGCA
GACGGCCTTACGGACGGCGAAGATCCAGAAGTCCCAGAGGTGGAGGACGAAGAGAAGGAG
AATCAACGCCCTCTAGGACACCCGGATCTGTCCCTTCTGCGCGAGACGTTGGAAGTATAC
ACACAACGCCCTCAAAGGGACATTCTTCAAGACTTAGACGACTTCTGCAGGAAGCTTGGG
ATCCACCCGTGGTCTGTGTAAAAGGGGGTGCCAATCAGCTTAAGTGTCTCAGGTACAGAC
TTAAAGCATCTACTCAAGTTGACTTTGACAGCATAAGCACCACATGGCATTGGACAGATA
GAAAAAACACCGAGAGGATAGGTAGTGCTAGAATGTTAGTAAAGTTTATTGATGAGGCTC
AACGAGAGAAGTTTCTTGAGAGAGTTGCTTTGCCCAGATCAGTGTCTGTGTTTTTGGGAC
AGTTTAAATGGGTCCTAAAATTAATGGAAGTTGATTTTGCTTGGACGTGTGTACATAGTCC
CTGTATATATTCCCCCTCTACCCCCACATACCTTGAAGCTTGCAACATTGTAACAAATGT
ATCGCCTACGTAGAAAACGCGCTGCCCCAAAGATATATACCCCTCATGCAAAATATCAA
ACACCTGCCCACCTGACATTCAAAATAAAATTGAGCATACAACAATTGCTGATAAAATAT
TGCAATATGGCAGTCTGGGAGTTTTTTTGGGAGGTTTGGGCATTGGAACAGCCAGAGGCT
CTGGAGGAAGAATTGGTTATACTCCCCCTCGGTGAGGGTGGTGGGGTTAGAGTTGCTACTC
GTCCAAGTCCAGTAAGGCCCTACAATACCTGTGGAAACAGTAGGCCCCAGTGAAATTTTCC
CCATAGATGTTGTAGATCCTACAGGCCCTGCTGTTATTCCCCCTACAAGATTTAGGTAGAG
ACTTCCCAATACCAACTGTGCAGGTTATTGCAGAAATTCACCTATTTCTGACATACCAA
ACATTGTTGCATCTTCAACAAATGAAGGAGAACTGCCATATTAGATGTGTTACGAGGGA
ATGCAACCATACGCACTGTTTTCAAGAACACAATACAATAACCCCTCTTTCACTGTTGCAT
CTACATCTAATATAAGTGCTGGAGAAGCATCAACATCAGATATTGTATTTGTTAGCAATG
GTTTCAGGTGACAGGGTGGTGGGCGAGGATATCCCCCTTGGTAGAATTAAACTTAGGCCTTG
AAACAGACACATCTTCTGTTGTACAAGAAACAGCATTTTCCAGCAGCACACCAATTGCTG

AAAGACCCCTCTTTTAGGCCCTCAAGATTCTATAATAGGCGTCTATATGAACAGGTGCAAG
TACAAGACCCCTAGGTTTCGTTGAGCAGCCACAGTCAATGGTCACTTTTGATAATCCAGCAT
TTGAGCCAGAGCTTGATGAGGTGTCTATTATCTTCCAAAGAGACTTAGATGCTCTTGCTC
AGACACCAGTGCCTGAATTTAGAGATGTAGTTTATCTGAGCAAGCCCACATTTTCGCGGG
AACCAGGGGGACGGTTAAGGGTTAGCCGCCCTTGGCAAAAGTTCAACTATTCGTACACGCC
TGGGCACAGCAATTGGCGCCAGAACCCACTTTTTCTATGATTTAAGTTCTATTGCTCCAG
AAGACTCAATTGAATTATTGCCTTTAGGTGAGCATAGTCAAACAACAGTCATTAGTTCCA
ACTTAGGTGACACAGCATTATATACAAGGTGAGACAGCAGAGGATGACTTAGAAGTTATCT
CTTTAGAAAACACCACAATTATATTTCAGAAAGAAGAGCTTTTAGACACAAAACGAAAGTGTGG
GCGAAAATTTGCAACTTACTATTACTAACTCAGAGGGTGAGGTTTCTATACTAGATTTAA
CACAAAGCAGAGTCAGGCCACCTTTTGGCACTGAAGATACTAGCTTGCATGTATATTACC
CAAATTCTTCTAAAGGGACTCCAATAATTAATCCTGAAGAATCATTTACACCTTTGGTTA
TTATAGCTCTTAACAACTCAACAGGGGATTTTGAGTTACATCCTAGTCTTAGAAAAGCGTC
GTAAAAGAGCTTATGTATAATGTTTTTCAGATGGCTGTCTGGTTACCAGCGCAGAATAAG
TTCTATCTTCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCCACTGATGAATATGTAACCAGA
ACCAATCTCTTCTACCATGCAACATCTGAACGCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTT
GAGATCTCCAGTAATCAAACGTAACTATACCAAAAAGTGTCAACAAATGCATTTAGAGTT
TTTAGGGTGCGTTTTGCTGATCCAAATAGATTTGCATTTGGGGATAAGGCAATTTTTAAT
CCAGAAACAGAAAAGATTAGTTTGGGGCCCTAAGAGGGATAGAGATAGGTAGAGGCCAGCCT
TTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCCTGTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCA
ACAAATTATATTAATACTCATGCAATGGAATTCCTAGACAAAATACTGCTTTTGATGCA
AAACAGACACAAATGTTCTCGTCGGCTGTACTCCTGCTTCAGGTGAACACTGGACAAGT
AGTCGTTGCCCAGGGGAACAAGTGAAACTTGGGGACTGCCCCAGGGTGCAAATGATAGAG
TCTGTCATAGAAGATGGTGACATGATGGATATTGGTTTTGGGGCTATGGATTTTGCTGCT
TTACAGCAAGACAAGTCTGATGTCCCTTTAGATGTTGTTCAAGCAACATGCAAATATCCT
GATTATATCAGAATGAACCATGAAGCCTATGGCAACTCTATGTTTTTTTTTGCACGTCGC
GAGCAAATGTATACCAGGCACTTTTTACTCGCGGGGGTTTCGGTGGGTGATAAGGAGGCA
GTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTAGCAACAACA
AATTATGTAGGCACACCAAGTGGCTCTATGGTTTTCATCTGATGTCCAATTGTTTAATAGA
TCTTACTGGCTTCAGCGATGTCAAGGCCAGAATAATGGCATTGCTGGAGAAACCAGTTA
TTTATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAAT
GCAAGTACTACATATTTCAATGCTAATTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTT
GATCTTTCTTTTATAGTTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTAC
ATTCATACAATGGACCCTAATATTTTAGAGGATTGGCAACTATCTGTATCTCAACCACCT
ACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCCTTGGCAGCAAAATGTCCA
GAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAAATTTCTGGGAAGTC
GATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTA
TATCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAAGCGCAAAACAGTG
CGTGTATCTACGTCAGCCAAGCGCAGGCGTAAGGCTTAGTATATATTATATATAACTATA
TTTATTAGTAGATTATTTATTATATATTTTTATATTTTATACTTTTTTATACTTGTTTAG
TTCTAAATAGACATGTAAGATTTACATTAGTATAAGTAGGCATGTATTTACATAAAATAG
TCTTGGAACCTTTTATTAGTGAACCATCATTTACAATAGTGACATCATAGTTCATCTGC
AATTGCTATTCATCGTTCCTTACATATCTACAGTAGTGTTCTCTAGATTGTATTGCTA
TTTTCTGTAGGCAAACAACAACATCTGTACATGGACCAAACAACCCACTTTCATTTTA
TTGTGCTGCATATATCCAGATTGTTGAGGATTTATTTGTTTAGACTCCGGTGCATTATA
CACAAGTGTGCATTTTTTGTGTTCTCTGATTGATTGTGTGTTATTTTCTGCAATATGCA
ATAAAAGTGAGCTGTCTTTCTTTTGTTAATCCCTCCCTACTCCAATAAAAAATCCCTA
CCCCTAAAATCTGTTTGTGCTGGTTTTATTAATAATTGCGCTCTTTTATATAATAAGTAC
TATTAATACCCGACCCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAGACTACACCTACAG
GATGTATTGCTCTTCATTGTTTATGGTTTACCGCGCTCCAAGACGGTTTGCCCAAAGACG
GTTTGCCAAACCGGTTAGGACTTGTTCAATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCGTGCTC
CAACGGGTTTTCTGCCAAGCACCTAAAACGGTAGGTGTGTACTCTTTTCAAGAATTAACA
AAGGAGATTTCTCCCGCAAATTAGTTTCGAGCGACCGAATTTCGGTCGTAAAAATCTAAA
GTGATGATTGTTGTT

>gi|9626032|ref|NC_001352.1|_Human_papillomavirus_-_2,_complete_genome

ATAATGTATAACTATAATCCTTTATTTAAAAATAGGGTGTGACCGAAAACGGTCAGACCG
AATTCCGGTTGTATATAAACAGAAGCAGGATGCACACAAGGGCAGGGATGTCTGAGGAGAA
TCCATGCCCTAGGAACATCTTTTTGCTTTGCAAAGAGTATGGTTTGGAGCTAGAGGATTT
GCGATTGCTCTGTGTATGGTGCAAACGGCCGTTATCAGAGGCTGACATATGGGCATTTGC
AATAAAAGAACTGTTTTGTAGTGTGGAGAAAAGGGCTTCCCATTTGGAGCCTGCGGAAAATG
CCTGATTGCAGCAGGAAAACCTTAGACAATACAGACATTGGCATTACTCATGCTACGGAGA
CACAGTGGAGACTGAGACAGGAATACCCATACCTCAGCTGTTTATGAGATGCTATATTTG
CCATAAGCCCCCTGAGCTGGGAGGAGAAAGGAGGCATTACTAGTTGGAAAACAAGCGTTTCCA
CAACATATCAGGCCGGTGGACGGGACATTGCATGAACTGCGGGTCATCATGCACGGCAAC
CGACCCAGCCTCAAGGACATTACACTAATATTGGATGAAATACCCGAAAATTGTTGACCTA
CATTGCGACGAGCAATTTGACAGCTCAGAAGAAGAGAATAACCATCAACTGACAGAACCA
GATGTGCAGGCCTACGGGGTGGTAACTACCTGCTGTAAGTGTGGCAGAACCGTCCGGCTG
GTGGTTGAGTGC GGACAAGCAGACCTAAGAGAGCTGGAACAGCTGTTCTTGAAGACGCTG
ACTCTAGTGTGCCCTCACTGCGCCTAGCGTTATGGAGGATTCCGAAGGTACCGACGGGAC
CGAGGAGGACGGGTGCCGGGCAGGGGGGTGGTTTTCATGTGGAGGCCATTATAACACACGG
CCAGAGGCAGGTATCCAGTGACGAGGACGAGGACGAAACAGAGACAGGGGAGGATTTAGA
CTTTATAGACAATAGGGTTCCCGGAGATGGGCAGGAAATTCCCTTGCAGCTATATGCACA
ACAAACCGCTCAGGATGACGAAGCAACAGTGCAGGCCCTAAAACGAAAGTTTGTGGCCAG
TCCTTTGTCTGCATGCTATGCATAGAGAATGATTTAAGTCCAGATTAGATGCAATCTC
CCTAAACAGAAAGTCAGAAAAGGCGAAGAGCGCTTATTTCGAGACAGAACCACCAGACAG
TGGGTATTGGCAATACGCAGATGGTTGTTGGAACGCCAGAGGAGGTAACGGGGGATGAGGA
AAGCCAAGGGGGGCGGCCGGTGGAGGATCAGGAGGAGGAGCGTCAAGGGGGAGACGGAGA
GGCAGATCTAACTGTACACACTCCACAGTCAGGAACAGATGCGGCGGGTAGCGTGTGAC
CTTACTAAGAAGTAGCAATCTGAAGGCGACGTTGCTGAGTAAGTTTAAAGGACCTGTTTGG
GGTGGGATTCTATGAACTGGTCAGACAGTTCAAAAGCAGCAAGACAGCATGTGCAGACTG
GGTCGTCTGCGCCTATGGTGTGTATTATGCTGTAGCGGAGGGTCTAAAAGAAATTAATACA
GCCACATACACAATATGCACATATACAGGTACAGACCAGCTCGTGGGGCATGGTGGTCTT
TATGCTGCTGCGATACAACCTGTGCAAAAAACAGGGACTCAGTGTCCAAGACATGAGCAT
GCTGCTAAACATTCCCGAAAAGCATATGCTCATAGAACCACCAAACTGAGAAGTACCCC
TGCCGCTTATACCTGGTACAAGACGGCCATGGGCAACGGAAGTGAGGTATATGGGGAAAC
ACCAGAATGGATTGTTAGACAGACGTTGGTAGGACATAGCATGGAAGACGAACAGTTCAG
ACTGTCAAGTTATGGTACAGTATGCATATGACCATGACATTGTAGAGGAAAGTGTGCTTGC
ATTTGAGTATGCACAACCTAGCAGATGTGGATGCCAATGCAGCAGCATTCTTAAACAGTAA
CTGTCAGGCCAAGTACGTGAAGGACGCAGTGACAATGTGCAGGCACTATAAGCGTGCAGA
GAGAGAACAGATGAGTATGTACAGTGGATAACATTTCAGAGGAAATAAGGTATCAGAGGA
AGGGGACTGGAAGCCCATAGTCAGGTTTCTAAGACATCAAGGGGTAGAGTTTGTGTCTGTT
CCTAGCTGCCTTTTAAATTGTTTCTTAAAGGCGTGCCAAAGAAAAAATTGTATAGTGTCTA
TGGACCTGCAGACACAGGCAAATCATATTTTTTGCATGAGCTTGTTCAGTTCCTAGGCGG
CGCTGTTATCTCATATGCTAATTCTAGCAGCCATTTTTTGGCTTCAACCTTTATCAGATAG
TAAGATAGGGTTACTGGACGACGCAACACCCCAGTGTGGAGTTACATAGATATATATTT
AAGAAATCTTTTGGATGGACACCCAGTGAGCATAGACAGAAAGCACAAAACCTTGCTGCA
GCTTAAGTGTCCACCCCTAATGATAACAACCAACACCAATCCTCTAGAGGAGGACAGATG
GAAATATTTGCGCAGCAGGCTGACAGTGTTCATTTAAGAATCCATTTCTTTTGCAGG
TCCGGGAGAGCCCCGTGTAACCGATAAATAATGCAAACTGGAAATGCTTTTCCAAAGGTC
GTGGTCCCGCTTAGACCTAAACAGTCCAGAGGAGCAGGACGACAATGGAAACACTGGCGA
ACCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTGCTAGAACTGTATGAAAAGGATAGCAACAAAC
TTGAGGATCAGATTAAGCATTGGGCGCAGGTCCGGCTAGAAAATGTCATGCTGTTTAAGG
CCCGAGAATGTGGAATGACACGAGTCGGCTGTACAGCTGTGCCTGCCCTCACCGTGTCAA
AAGCTAAGGCATGTGAGGCCATAGAGGTACAGCTGGCATTACAGACATTGATGCAGAGTG
CCTATAGGCACGGAGGCATTGGACCTACGAGACACGTCGTCTGGAGATGTGGGACGCACCTC
CAAAGAAATGCTGGAAAAAAAAGGACAATCAGTATTAGTGAAATTTGATGGCAGCAGTG
ACAGAGACATGATATATACAAGCTGGGGATTCAATTTATGTGCAGGACACTATCACTGATT
CCTGGCATAAGGTGCCAGGGCAGGTGGACGAACTGGGATTATATTATGTGCACGATGGTG
TACGTGTTAACTATGTGGACTTTTGGAAACAGAGTCCTTGACCTATGGGGTCACCGGGACGT
GGGAGGTGCACGTGGCTGGGACTGTTATTCACCATACATCCGCATCTGTGTCTAGCACCC

AGGCCAGCGCCTCGGACGACGAACCACTATCCCCTATTAGAACTGCTGTATCCCCAGTCC
CAGCCCCAGTCGCAGCCTCAGCAGAATCAACAGGAGCAGGAAGAGCAGCTCCGCCCACCC
AAGCGTTGTGCTCCGCCCAGGCGCCAACGAGTCCGCGGCCAAGCGCCAGCGTGTTCATCG
TCGGACAGCAGCATCCCCGGCCCGACTCTACGCGAACGGTCGGAGAGGGGGAAGTGGAGT
GTTACAACAAGCGGAGCATCAGTGACTCTAACCGCACAGACCCAGGTGGGGCCACGGTG
ACACTGACTCTGTGCCTGTAATCCACCTGAGAGGTGATGCAAATTGTTTAAAGTGCCTCA
GATACAGGGTGCAAAAACATAAAGACGTACTGTATGCCAGGGTGTCTCCACGTGGCACT
GGGCGGGTGGGAACGGTGATAAGACAGCCTTTGTAACACTGTGGTACACCAGCGTTGAAC
AGCGTACAGAGTTCCTGACAAGAGTCAGTATACCTAAGGGATTGATAGCATTGCCAGGGT
ATATGTCTGCATTTGTATAATCCTACATGCTTGTATAAACATATGGTCCAATACATTTCA
AGGCTTGCTCCGCAACACAGCCCTGGACTACTTTCTCTGCGTGGTTGCAGGGTGGACAC
ATCTGCTTGTGCTACTGCTCTTCCTGTGGCTCTCTCAACTAACCCCCCTTGTGGCCTATC
TGGTGTCTCTTTTCTGTGTCTATCTGGGGCTGTGGTTGATATATGTGCAGGCCCTTTGGT
TTTTACCATAGTCGTTATTATTTTCGCCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTCTAT
ATACCCATTGTGTGAGATTTGCAATGTACCCTGTTGTGTATAAGGGATCTGAGGGAACAT
ATCCTGTGGTACTGTGGGGTCATGATGATGTTCAATGTCTGTTGGTGATTCTTATCCTAA
TCGCCTTTTATTGTTGATGTTTTATGTCCGTTTGTAAACCACACCTAACACCCCCACT
TTTTTATATTGTTTTGATACATTTTCATTTGATACATTTGTGTTTTTTTTGTATTTGCT
GCGTTTTTAATAAACGTGCAACCATGTCTATACGTGCCAAGCTCGAAAGCGCGCCTCCCC
CACAGACCTCTATCGTACCTGCAAGCAGGACGTACCTGCCCCCAGACATTATCCCAAG
AGTGGAACAGAACACTTTTAGCAGATAAAATCCTTAAGTGGGGCAGTTTAGGTGTGTTTTT
TGGGGGTCTAGGTATAGGCACCGGCAGCGGCACAGGGGGCGTACTGGGTACATTCCTGT
AGGTTTCGCGACCCACCCTGTAGTTGACATTGGTCCAACGCCCAGGCCGCTGTTATCAT
TGAACCTGTGGGGGCTCTGAACCCTCTATTGTCACTTTGGTGGAGGACTCTAGCATCAT
TAACGCAGGAGCGTCACATCCCACCTTTACTGGTACTGGTGGCTTCGAAAGTGACAACCTC
CACCGTTACAGACCCCGCGTCTTGGATATCACCCCTCAGGTACCAGTGTGCAGGTCAG
CAGCAGTAGCTTTCTTAACCCACTATACACTGAGCCAGCTATTGTGGAGGCTCCCCAAC
AGGGGAAGTATCTGGCCATGTACTTGTAGTACAGCCACCTCAGGGTCTCATGGCTATGA
GGAAATACCAATGCAGACGTTTGCCACGTCGGGGGGCAGCGGTACAGAGCCTATCAGTAG
CACACCCCTCCCTGGCGTGCAGAGAGTTGCCGGACCCGCGCTGTACAGTAGAGCCAATCA
GCAAGTGCAAGTCAGGGATCCTGCGTTTCTTGCAAGGCCTGCTGATCTAGTAACATTTGA
CAATCCTGTGTATGACCCAGAGGAACTATAATATTTAGCATCCAGACTTGCATGAGCC
ACCGGATCCTGATTTTTTGGACATAGTGGCGTTGCATCGTCCCGCCCTCACGTCCAGAAG
GGGTACTGTCCGTTTTAGTAGGTTGGGACGCAGGGCTACACTCCGCACCCGTAGTGGTAA
ACAAATTGGGGCACGGGTGCACTTCTATCATGATATTAGCCCTATAGGTACTGAGGAGTT
GGAGATGGAGCCACTGTTGCCCCAGCTTCTACTGATAACACAGATATGTTATATGATGT
TTATGCTGATTTCGGATGTCCTTCAGCCATTGCTTGATGAGTTACCCGCCGCCCTTCGCGG
TTCACTCTCTCTGGCTGACACTGCTGTGTCTGCCACCTCCGCATCTACACTACGGGGGTC
CACTACTGTCCCTTTATCAAGTGGTATTGATGTGCCTGTGTACACCGGTCTTGACATTGA
ACCACCCAATGTTCTGGCATGGGACCTCTGATTCCCTGTGGCTCCATCCTTACCATCGTC
TGTGTACATATTTGGGGGAGATTATTATTTGATGCCAAGTTATGTCTTGTGGCCTAAACG
ACGTAAACGTGTCCACTATTTCTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAATGAAAGCAAGG
TATACCTACCTCCAACACCTGTTTCAAAGGTGATCAGTACGGATGTCTATGTACACGCGGA
CTAATGTGTATTACCATGGTGGCAGTTCTAGGCTTCTCACTGTGGGTGTCATCCATATTACT
CTATAAAGAAGAGTAATAATAAGGTGGCTGTGCCAAGGTATCTGGGTACCAATATCGTG
TATTTACAGTGAAGTTGCCAGATCCAAATAAGTTTGGCCTGCCCGATGCTGATTTGTATG
ATCCAGATACCCAGAGACTTCTGTGGGCGTGCGTGGGAGTAGAGGTGGGCCGTGGGCAGC
CTTTGGGTGTGGGTGTGCTGGTCAACCATATTACAATAGACTGGATGACACTGAAAATG
CACACACCTGATACAGCTGATGATGGCAGGGAAAACATTTCTATGGATTATAAACAGA
CACAGCTGTTTCTTCTGGGCTGCAAAACCCCTATTGGTGAGCACTGGTCTAAGGGTACCA
CCTGTAATGGGTCTTCTGCTGCTGGTGACTGCCCGCCCTCCAATTTACTAACACAATA
TTGAGGACGGGGATATGGTTGAAACAGGGTTTCGGTGCCTTGGATTTTGCCACTCTGCAGT
CAAATAAGTCAGATGTTCTTTGGATATTTGTACCAATACCTGTAAATATCCTGATTATC
TGAAGATGGCTGCAGAGCCTTATGGTGATTCTATGTTCTTCTCGCTGCGTAGGGAACAAA
TGTTCACTCGTCATTTTTTCAATCTGGGTGGTAAGATGGGTGACACCATCCCGGATGAGT

TATACATTAAAAGTACCTCAGTTCCAACCTCAGGCAGTCATGTTTATACTTCCACTCCTA
GTGGCTCTATGGTGTCTCTGAACAACAGTTGTTTAATAAGCCTTACTGGCTACGGAGGG
CCCAAGGGCACAACAATGGTATGTGCTGGGGCAATAGGGTCTTTCTGACTGTGGTGGACA
CCACACGTAGCACTAATGTATCTCTGTGTGCCACTGAGGCGTCTGATACTAATTATAAGG
CTACCAATTTTAAGGAATATCTCAGGCATATGGAGGAATATGATTTGCAGTTCATCTTCC
AACTGTGCAAGATAACCCTTACTCCTGAAATTATGGCCTATATACATAATATGGATCCCC
AGTTGTTAGAGGATTGGAACCTTCGGTGTACCCCTCCGCCGTCTGCCAGTTTACAGGATA
CCTATAGATATTTGCAGTCCCAGGCTATTACATGTCAAAAACCTACACCTCCTAAGACCC
CTACCGATCCCTATGCCTCCCTGACCTTTTTGGGATGTGGATCTCAGTGAAAAGTTTTTCCA
TGGATCTGGACCAATTTCCCTTGGGTGCGAAGTTTTTGCTGCAGCGGGGGGCTATGCCTA
CCGTGTCTCGCAAGCGCGCCGTGTTTCGGGGACCACGCCGCCCACTAGTAAACGAAAAC
GGGTAAGGCGTTAGCTCTCAGTGTGCGCATATTTCCCTCTGTTCTACTTTTTACATATTAT
TTTGTTGTCTGTAATATGTTTATGTTGTTGTTGTGCTTATATTACATGTATACATGTATG
GTATGTATCCCCTCCCGTATGAATAAACGTGTGTCTGTGTGTGTGTCTGTAACTGTA
CGTTCTGGTGCACAGATTTCTGCACCCCATCGCCTTGTGTGTAGCCCCCAGTTTCATGCA
ACCGTTTTTCGGTTGCGTGCAGTTTCGGTTCGGCGCCGTTGCCAACCCAGCTTAATCCTTTA
ATTGCTCTCATCCTAAAGTGTTATCTGTGCCAGCGACGATGAGTTTGGATTTTGGTTGTT
TAATGCTTTTTCTTTTCAGTTTTTCTTTTGTGTTGTGCCAGGCCGCGAGAGGGCGTGCACA
TTCTTAGGCTGATTATCTTAATGTGTTTGGCACATCTTTGTACTGCGTCTGCAGAAAAAC
CTGCAGACAACAGCACTTTGGGCGCGTCTTTTTCGAGCCAACCTTCACTTGCCAACCTTGC
CTTGCCGCGCATTTCCAAGAAACACACCTATTCCGGTTCGAATGTCTACTATGTGTGGTTT
>gi|30315616|ref|NC_004761.1|_Human_papillomavirus_RTRX7,_complete_genome
AACGGTAAAGTCTCGCCCTTGTAACAGGTGCGGTACGATTTCTCAATAGCTCCTTCAATAA
CAGGTTGTTATTGCCAACTACCATCATCACTTTCAAGTTTTTGCTTGTATCGTTTTTCGTA
TCATCTCCTATTTGTATATAATTAATAAAATAATATATATAATGTTTGAGGCTTGGTTA
TTTTGCAACTGTGATTGGGACAAATGGCTCAGCAGACTACACCAGACCAACAGAAACCTA
AAGAGGAAAACATTTGAACTGCCCACAACATTAAGAGTTAGCTGACCTCTTACAAATTC
CTTTAGTTGATTGCTTAGTGCTTGAACCTTCTGTGGAAGGTTCTTAGATTTTTTGGAGG
TTTGCGAGTTTGACAAAAGCAGCTAACATTGATTTGGAAGACTACTTTGTTTTCTGCTT
GCTGTGCAAGTTGTTGTGTAGCTACTGCAACTTTCGAATTCAATGAATATTACCAGCAAA
CAGTTTTAGGTAGAGATATAGAGCTAGCTACAGGAAAGTCAATATTTGAATTGAAAATCA
GGTGTGAGACTTGTCTATCATTTTTGAGCACCATTGAAAAATTAGATAGCTGTGGTCGAG
GCCTTCCGTTCCACAAAGTGAGAGACGGCTGGAAAGGAGTGTGCAGGCACTGTAAGCATT
TGTATAATGATCGGTAAAGAGGTCAGTGTGCAAGACTTTATTTTGGAGCTTAGTGAGGTG
CAGCCTGAAGTGATAACAGTTGACCTGCTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAACAGGAA
ACGGAGGAGGAGTCAAATATCGACAGAACCGTGTTCAAAGTCATTGCACCGTGTGGCTGC
AGCTTCTGTGAGGTCAATCTTCGTGTTTTTGTCAACGCAACTGAACTTGGTATTAGAACC
CTGCAGGAACTACTGACCAGCGATCTGCAGCTGCTGTGTCCAGAGTGCCGTGGTAACTGC
AAGCATGGCGGATCCTAAAGGTAGTACATCTAAAGAAGGGTTAGGTGATTGGTGTATTTT
GGAAGCTGACTGTAGTGATTTAGAAAATGATTTTGAACAGTTATTTGAGCAAGATGCAGA
CTCAGATGTATCGGACTTGCTAGATAATGGTGAACCTGGAACAGGGCAATTCCCCTGGAAC
ATTTTCATCAACAAGAGTGTAAGCAGAGCGAGGAGCAATTACAAATACTAAAACGAAAGTA
TCTTAGTCCAAAAGCTGTGCGCGAGCTTAGTCCGCGTCTTGAGTTGATGTCATTGTCACC
TCAGCAGAAAATCCAAGCGAAGGCTCTTTGCAGAGCAGGACAGCGGACTCGAGCTATCTCT
AAACAATGAAGCTGAAGATAATGCTCCTGAGGTGGAGGTACCGGCTCTAGACTCTGGGCC
GGTAGACGAGGGAGGAACAGGGGATGTAGATATTGATTATTTAGCCTTGTGCGTTCCAG
CAACAGAAAAGCCACATTAATGGCGAAATTTAAAGACGCGTTTGGGGTAGGCTTTAATGA
ACTAAGCTCGCCAGTTTAAAAGCTACAAAACCTGTTGTAATCATCGGGTTTTAGCTGTGTA
TGCAGTTCATGATGATCTATTTGAAAGCTCAAAGCAGCTGTTGCAACAGCACTGTGACTA
TATCTGGGTCGGTGGGATAGCTATGACACTTTACCTATTGTGTTTTAAGGCGGGAAA
GAATCGCGGTACTGTGCATAAGTTACTTACGTCAATGTTAAATGTGCAAGAGCAGCAAAT
ATTGTCTGAGCCTCCTAAGTTAAGAAATACAGCTGCGGCATTGTTTTGGTATAAAGGTGG
TATGGGGTCAGGAGCATTTACATATGGTAAATATCCTGATTGGATTGCGCAGCAAACAGT
ACTTGGCCACCAAATGCGGAGGCAAGCACATTTGATTTTTTCAGTGATGGTACAATGGGC
ATTTGATAATAATCACGTAGACGAAGCAGATATTGCTTACCAATATGCAAGGCTTGCACC

AGAAGATAGTAATGCAGTAGCCTGGCTTGCTCATAATAGCCAAGCAAAGTTTGTGCGAGA
CTGTGCAGCAATGGTACGCTTTTATAAAAAATTTACAAATGAGAGAAATGTCCATGTCTGA
ATGGATATACACAAGGATAAACGAGGTGGAAGGAGAAGGACATTGGTCATCTATTGTTAA
ATTTTTAGGATATCAAGGAGTTAATTTTATAATGTTTTTAGCAGCATTGAAAAATTTTTT
GCATGCTGTACCAAAACAGAATTGCATATTAATACATGGGCCTCCTAACTCTGGAAAGTC
ATCTTTTGTCTATGTCATTGATAAAAGTATTGAAAGGGAGAGTATTGTCTTTGTAAATTC
CAGAAGTCAATTTTGGTTACAACCTCTTGGAGAGTGTAATTTGCCTTGATAGATGATGT
AACAGATCCTTGTGGCTATATATGAGACACATATTTACGAAATGGTTTGGATGGCCATTT
TGTGTCACTAGACTGTAAATACAAAGCGCTGTGCAAACGAAGTTTCTTCCATTATTGCT
CACATCAAAATATTAATGTGCATGAGGAAAACAAATTACAGATATTTACATAGTAGAATAAA
AGGATTTGAATTTCCAAATCCTTTTCCAATGAAATCAGACAACACACCTCAATTTGAGTT
AACTGACCAAAAGCTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGACACAATTAGAAGTGAAGTGA
CCAAGAAGAGGAGGAGGAGGGCGAACATGGAGAACTCAGCGAGCGTTTCAATGTTCTGC
AAGATCAGCTAATGAACATATATGAAGCTGCAGAACACACACTTGAGACACAAATTGCAC
ATTGGACACTTTTGCGAAGAGAAGCTGTATTGCTTTACGTTGCTAGGCAAAAGGGTATCA
CAAGGCTTGATACCAACCTGTGCCTCCATTGGCAGTCTCTGAAGGAAAAGCAAAGGAGG
CCATAGGGATAATGCTGCAACTGCAATCTCTGCAAAAGTCTGAGTATGCTTCAGAGCCCT
GGACATTAGTGGACACAAGTGCAGAACTTATAGGAATGCTCCAGAACAACATTTTAAAA
AAGGCCCAATACCTGTGGAGGTCAATTTATGATAAGGAGTCCGGAATGCAAATGTTTATA
CTATTGGGAAGTTTGTATATTACATGGATCCAGAGGATGTATGGCATAAACTACAAGTG
GTGTAAACCACAATGGTATCCACTATTTACATGGTGACTTTAAACACTATTATGTGTTGT
TTGCTGATGGTGACGTACATATAGTAAACAGGATATTGGGAAGTGAAAGTTAATAAGG
AAACTGTGTTTGTCTCCTGTACACAGCTCCACACCTCCCGGATCTCCAGGACAAACAGACA
CAAACACCACCACCAAGGCCCGCCACCTCCTCTGACTCCACGACCAGATCCAGTGACA
AACAGTCACAACAAGCCGCAACCAAGAGGAAAGGATTCGACGACGACCATCCAGTAGAA
CAAGGCGACAAGAAACGCAGCAAAGGCGATCAAGGTCGCGATACCGCTCCCGGTCTCACT
CCCGGTGCGACTCCAGTCCGATACCAGGGCCATTGCCACCTCCCTATCCAGGTCTCTCA
GGTCCCCGTCGGTCTCCAAGACTAGGAGTCGGAGGTGAGAATCCAGATCACAATCCCAGA
AGTACCTCCAGCCGAAGGCAGGTGAGGGTCACCCACCGACACCACCAGGCGTCGGA
GATCCCGATCAAAGTCATCTCCACCTCCACCTCTTCTCTCTCCCAACGGTCACAACGGG
GAGGGAGAGACAGAGGGGAAAGAGGAAGTAGGAGCTGTAGGGGGTGCGGTAGGGGAACAG
GAAAGCGACGGGGTAGATCATCTCCACCTCCCCACCCTCAAACGGTCTCGACCAAAGT
CTAGCAGGCTCCGTGGCGTGTCTCCTGACGAAGTGGGAAGATCTCTTCAATCTGTTAGTT
CAAACATAGAGGAAGACTTGGGAGATTATTGGAAGAGGCTCTCGACCCCCAGTAATAC
TTTGCAAGGGGGGGGCAAACACATTAAAATGCTTTCGCAACAGAAGTACAGGGAAATACA
CGGGGCTGTTTCAGAGCCATTAGCACAAATGCTCTTGGGTGGCTGGAGATAGCACTGAGC
GTCTAGGCAGGCCAGAATGCTCATTAGCTTTTCTTCAGATGGTCAGAGAAAACATTTTG
ATGAGACTGTGAAATATCCGAAAGGGGTTGAGACATCATATGGCAACTTGGACAGCCTAT
AACACTACTAACATTGCTTTTGTACTAACCACCTAACATTACAGAAATAGTATAGTTTA
ACATTTTTTTTACTTTTTTATTGCTATGGTGCGTGCTAAGCGGGTCAAGCGGGTCAAGCGT
GACTCTGTAATCATATATACCAAACCTGCAAACAAGCAGGCACTTGCCCCCTGATGTT
CTTAATAAAGTGGAGCAAACAACAGTTGCTGACAATATTCTTAAATATGGCAGTGCTGGT
GTATTTTTTTGGAGGCCTGGGCATAGGAACCGGCCGTGGTACAGGAGGCGTGACAGGGTAC
ACGCCACTGTCTGAAGGGCCTGGTATCCGTGTTGGTGGTACCCCCACAGTTGTACGGCCC
TCACTTGTCTCTGAAAGTATTGGTCCAGCAGATTTGCTGCCAATAGACACTATCAATCCT
GTGGAGTCCACTGCATCATCGGTGGTCCCATTTGACTGAATCTTCAGCAGCTGATTTGCTT
CCAGGGGAAGTTGAAACAATAGCTGAGATACATCCTGTTCTCTGAAGGTCCCATAGTTGAC
TCGCTGTGTGTGACCACAGCAGAGGCTCAAGTGCCATACTAGAGGTTGCTCCAGAGCCT
ACACCACCTACACGTGTTGTTGTTGTCGTCACGACACAATATCATAACCCATCTTTTCAAATA
TTAACAGCAATCAACACCTACTCAGGGTGAAAGTTCTTTTAGCAGATCATATATTAGTTACA
TCTGGTTACAGGGGTCAAACCATAGGTGGTAAATGTTACAGACATTATTGAGTTACAAGAA
TTACCCAGTAGATATTCTTTTGAATAGAAAGAGCCAACCTCCACCACGGCGCAGTAGCACA
CCACTTCAAAGAGCACTATCCATTGGCAGGCGTAGGGGGCCTTCTCTAACAAATAGAAGG
TTAGTTTACAGCAAGTACAAGTAGACAATCCTTTATTTGTTTCTCGACCATCCAAATTAGTA
AGGTTTGCTTTTGATAATCCTGTATTTGAGGAGGATGTTACAAATATTTTGTAGCAGGAT

GTAGATACGTTTGAAGAGCCCCCTGATAGGGATTTTTTTAGACATTTCGCAAACCTGGGACGA
CCCCAATACTCAACAACACCTGCAGGTTATGTTAGGGTAAGTCGACTCGGCACCCGGGCC
ACTATTTCGCACACGTTTCAGGTGCTCAAATAGGATCTCAAGTACATTTCTATAGAGATTTA
AGTTCAATAGATTCTGAGGACCCTATTGAGCTACAGTTATTAGGTCAACATTTCTGGGGAT
GCGACCATCATACAAGGTACTGTGGAAAGTACGTTCATAGACATGGATACAGCAGAAAAT
CCTTTGTCTGAGAGTATTGAGGCGCATTCTAATGATCTGCTACTTGATGAAGCTGTTGAG
GATTTTAGTGGCTCTCAATTAGTTATAGGAAATAGACGTAGTACTACATCATATACTGTC
CCATGGTTTTGAAACAACAAGAAACAGCTCCTATTATGTGCAGGACACACAAGGTTATTAT
GTGGCTTATCCTGAGAGTCGAGATACTGCAGAAAATAATTTATCCTACACCAGACATTCCC
GTGGTGGTCATTCATACCCATGATAGCAGTGGTGACTTTTATTTGCATCCTAGTCTTCGA
CGGGCAAGGGTAAGAGAAAATATTTGTGATTTGCTTACAGATGGCTGTGTGGCATTCGGC
TAACGGTAAGGTCATCTACCACCATCAACACCAGTGGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGA
ATACATTCAAAGAACAACATCTACTATCATGCCAATACTGACAGACTGCTCACTGTAGG
CCATCCATATTTTAAATGTGTATGATAATACTGGGAAAAAATTGGAAGTCTCTAAAGTATC
AGGAAACCAACATAGGGTATTTTCGTTTGAAATTACCAGATCCAAACAGATTTGCTTTGGC
TGACAAGTCTGTATAACAACCCCGATAAAGAAAGGCTGGTATGGGGTTGCAGAGGGTTGGA
AATCAGTAGAGGACAGCCTTTGGGAGTTGGCAGTACTGGACATCCATATTTAATAAGGT
AAAAGACACGGAAACACTAACAATTATACCACAGGCTCTACAGATGATAGGCAGAACAC
ATCTTTTGACCCCAAACAATTCAGATGTTTATAGTAGGTTGTACACCTTGTGTGGGAGA
GCATTGGGAAAAGGCCCTTACCTTGTGGAGATGCGCCTGCAGATAATGGTATTTGCCCTCC
AATTGAATTAATAAACACTTTTATTGAAGATGGAGACATGGCAGATATTGGTTTTTGCGAA
TATGAATTTCAAACCTTTACAGCAGAATAGGGCTGATGTGTCAGTCTGGATATAGTTAATGA
AACTTGCAAAATATCCAGACTTTTTTGAAAATGCAAAATGATGTCTATGGCGATGCGTGTTT
TTTCTATGCTCGCAGGGAGCAGTGTTATGCCAGACATTTTTTTTGTAGGGGGCGCAAGAC
AGGTGACAATATTCCTGACGCATATATTGATGATGGCAATATGAAAAATTCTTTTTTACAT
ACCAGCAGCTTCAAATCAATCTCAAAAGGATATTGGTAATGCTATGTATTTCCCAACAGT
CAGTGGCTCACTAGTCTCTAGTGATGCTCAATTGTTTAAACAGGCCCTTCTGGCTGCAAAG
AGCACAGGGTCATAATAATGGCATTCTGTGGGCTAATCAGATGTTTGTACAGTTGTAGA
CAACACGCGAAACACCAATTTTCACTATATCTATATCTAGTGAAAATCAAGATATACAGCA
AATACAATCATATGACTCACAAAAGTTTAGGGAATATTTAAGGCACGTAGAAGAATATGA
AATTTCTATTATTTTACAGTTGTGTAAAGATTCCTACTACAAGCAGAAGTTTAGCACAAAT
AAATGCAATGAACCCCTCCTTACTAGAGGATTGGCAGTTAGGATTTGTGCCAACTCCCGA
TAATCCTATCCAGGACACATACAGATTTATTGATTCCTTAGCTACCAGGTGTCCCGATAA
AAATCCACCAAAGGAAAAACCTGATCCTTATGAAAAATTAACATTCTGGAATGTAGACCT
AACTGAAAGATTATCTTTAGACTTGGATCAATATTCCTTTAGGTCGCAAGTTTTTGTTCGA
AGCTGGATTGCAGCAAACGACCGTTAACGGTACAAAGCCTTCAACGTATAGAAGTTCTGT
ACGGGGGATCAAAAAGAAAACGCAAAAACCTAACAATTACCGAATTCGGTACATTTGTATCA
ACTTTTACACAGTATTCAAGGAATGTCTGTTTACTCTGACTAAGTATAACTCTACCTAGG
AAACCAACCGCGCCCGGTACATAAAGGTGAGTTGGTGCCAAATTAGATTCAGTGTGGTGC
CAAGACATACCGTGTGGTTCTAACATGCTCGGATTAGGTGACCGCCAAGGAACCTTTA
GTGTGCCAATAGCTTACAGCAGTCCAGATTTGGCACATTTTGTGGACCGAT

>gi|22138122|ref|NC_004104.1|_Human_papillomavirus_type_90,_complete_genome

ATGACCAACGGAGACTACTGCCCAAGAAATATCTTCCTATTGTGCAAAGTCTATGAAGT
GACCTGCAGGACCTGAACATAACCTGCGTGTTTTGCGGAACAGCATTAACAGAGGAGGAG
GTTGTATCGTTGCATACAAGGAGCTACAAGTTGTGTGGAGAAAGCATTTTCCATTTGCA
GCATGTCTGCGTGTCTGGAAGCAGCCGGGAAACTAAGGCAATTTAGATACTGGCAGTAT
TCTAGCTATGCACCCACAGTGAATATGAAACAGGAGTGCCTATTTTAGAATTGCTTATT
AGATGCTACCTGTGCCATAAACCAGTGTGTCAGTGAGGAAAAGGAACGGCTTATCAGTGAA
GGCAAAACGGTTCCATAAAATAGCTGGGCTTTGGCGAGGCGCTTGCCCTGCAGTGTGGGAA
CCATGACATGGCCAACGACCAACCTTAAAGGACATATTTCTAGAGCTGGATCAGCCTGATG
CGGTTGACCTACATTGTAACGAGCAATTAGCCAGCTCAGAAGAGGAGGATAATAGGGAGG
ACGGTGAGCAACCTACACAACCTACAGAACCAGCACAGCAAGCATATAGGGTGGTAACAA
GTTGTTGTAGGTGTTGCTGTACAGTAAGGCTGGTGGTGGAGAGTGACACGCGAGAAATAA
GACAACTCCAGGAGCTTCTGTTGGGCGCACTGCATATAGTGTGTCCGCTCTGCGCATAA
TGCTATGGCCGACGGTGAAGGTACAAACAATGGGGACGATAGTGAGGAGGGACGGAGCGC

ATGCGGGTGGTTTTGGGTGGAAGCCACAGTGGACAGAACCACGGGACAGCAAATATCTAG
TGATGAGGACGAGGAGGACGGTGACAGCGGACAGGACATGGTTGATTTTATTGATAATAG
TAGGCATCCCGGGGATGGACAGGAAGTTGCAC TTGAGTTATACAGACAGCAGGAGGCACA
AGATGACGAGGCCCTTTGTGCAGGCCCTAAAACGAAAGTATCTAGCTAGTCCGTTGGCCGC
CGGGGTATGTGTAGACAAAGACCTAAGTCCACGGCTGGATGCCATAACACTAGGCAGAAG
CTCACAAAAAGCAAAACGTAGACTGTTTTGAGCTGCAAGACAGTGGGTATGGCAATACGCA
AGTGGATATTGACGCGACAGAGGACCAGGTAGTAGGGGAAAGCAGGGGGGGTGCAGGCAC
AGGGGGGGTACAGGAAACGGAGGAGGAGGAGCGACAAGGGGGGGATGGTGCGCCGGGTGC
AGTTACAGCACCCGGCACAATCAGGTACAGATGCTATCCTGTCTCTGCTTAAAACAAGTAA
CCTAAGGGCCACATTACTAGGTAAGTTTAAAGATATATATGGGTGTCTTTTATGGAGCT
AGCAAGACAGTTTAAAAGTAATAGGACCACGTGTTTGGACTGGGTAATATGTGCATTTGG
CGTGTACTGCACAGTTGCAGAGGGTGTCAAAACCCCTTATACAGCAACACTGTCAATATGC
ACACATACAGGTGCAAACCAGTAACTGGGGAATGGTGGTCCTAATGCTAGTGAGATATAA
TTGTGCCAAGAACAGGGACACGGTGGCAAAATGTATGGGCAGGTACTAAATATACCAGA
GCAACATATGCTCATAGAACCCTCCCAAAATAAGACATCCAGCGGCTGCACTATATTGGTA
TAAAGCAGGCATGGGCAATGCTAGTGAAATAATTGGAGAAACACCAGAATGGATTGTAAG
ACAAACAGTTGTGGGGCACAGTCTAGAAGAATGCCAGTTTCAGTTATCAGTAATGGTGCA
ATGGGCATATGACCATGATATAACAGACGAAAGTATATTGGCATATGAATATGCAAAATT
GGCAGATGTAGATGGTAATGTGCAGCGGCATTCCCTAGCAAGCAACTGCCAAGCAAAATATGT
AAAGGATGCATGCACAATGTGCAGGCATTACAAACGGGCAGAGCAGGCACAAATGACAAT
GTCAGAATGGATAAGATTTAGAAGTGCAAGATATCAGAGGAGGGCGACTGGAGACCCAT
AGTACGGTTCCCTAAGACACCACGACATAGAGTTTATTACCTTTGTAATATCGCTGAAAAA
CTTTTTTAAAAGGCATACCAAAAAAATGTTGTATAGTAATATATGGACCTGCAGACACAGG
TAAATCATACTTTTGTATGAGCCTGTTGCGCTTCCTAGGAGGGGTGTGATTTCCCTATGC
CAACTCCACCAGCCATTTTTGGCTGCAGCCATTATGTGATGCCAAAATAGGGCTTATAGA
TGATGTTACCCCCAGTGCTGGAGCTATATAGATACCTATTTGCGAAATGCACTGGATGG
CAATCAGGTATGCGTAGACAGAAAACATAGGCCCTTTGCTGCAGCTAAAAATGTCCACCCT
GTTAATGACAACAAATACCAATCCCTTAGAGGAAGACAGGTGGAAATTTTACGTAGTAG
ACTGCAGCTGTTTACCTTTTCTAATGCATTTCCCTGTAAATCAGAAAGGGATCCCTTGTA
TACACTAAATGATGCAAACTGGAAATGCTTCTTCCAAAGGTTGTGGGCTCGGTTAGACTT
ACACGAGCAGGACGACCAGGAGGACAATGGAGACATTGGCCAGCCGTTTAAATGCGTGCC
GGGAGAAGTTGCTAGAACTGTATGAAACAGATAGCGACCAGCTGCAGGACCAAATTATGC
ACTGGGGACTTGTGCGATTGGAAAATGTTATTATGTATAAGGCACGAGAAGCGGGAATGT
TGCACCTAAACCACCAGGTGGTGCCAGTGCAATTGATTGCAAAAGCAAAGGCATGTAAAG
CTATTGAAATGCAGTTGGCATTAAAGACATTGCTAAAAAGCCCCTATGGCACGGAACCTT
GGACATTACGTGACACAAGCCAGGAAATGTGGGACGCAGCACCCAAGCAATGTTGGAAAA
AAAAGGGCTACACCGTAGACGTTAAGTTTGATGGCGAGGACACAAAAACTATGTGCTACA
CATGCTGGAGGTATATATATGTACAAAAGCGGTGATGATGATACATGGACCAAGGTGTCTG
GCCATGTGGACCATGCAGGACTATACTTTACACACGAAGGGACACGTGTAACCTATGTTA
GGTTTGCACAGGAAGCACAGACATATGGGAACACTGGCACCTGGGAGGTGCATGTGGGAG
GACAGCTAATTTATGATGCATTCGACTCCTCTGTGTCTAGCACCCAGGACACCGACCAAG
AACCGCTATCCTCTACTAGACCTACTGACCCCCCATAACCGACGAACCCGACGCCACCA
ACCCCGCCCAGGTGTTGGGCCCCGCGTCGCCACACGTGCCGCCGCCGCATAAGCGTCAGC
GACTCGGACACGGATATCAGCATCCCGACTCCACAGAAGACAGGATCCAGCGGCTGGCAC
GTGACAACACAGGGGACCAGTGTAACCTTGACAGCGCAAAGCAGCACGGGAACATCCGTG
TCGGTGACAGTGCACCTGTAACACACCTCCGAGGTGATCCAAACAAATTAAAGTGTTTAA
GGTATAGATTGCACAAACATAAATCTGTACTGTTTAGCAAAGTAACCTCCACCTGGCGAT
GGTCAACGTGCAGTAACACCACCAATGAAAAATCAGCCTTTGTAACCCCTGTGGCATGATA
GTGCGGAACAAAGGGCAACCTTCCTATCAACCATAACCTTACCTAAAGACATTGAAGCAG
TACTGGGGTACATGACTATGTTAGCATAATATACCTGGTATATTGTAAATATATGTAACT
GTGTACAGTGCAGAACGTTAAGGGACATCTGTTGTATACAGTGTGGAGACCTTTATTTGC
TACTTGTCTGCCTGGACACAACCTGCTGCTAATACTAATCTTCTTTTGGCTGTCTATCCTT
CCTGGCGTTACTGCTTTTTCTTATTGTATTTCCTTACTGTGTTTCTAGGCCTCCTGATCATA
TACATACAGGCGTTGCAGTCCCTTGACCAACTGTGATATCACCACACAACCAGCCAAGCC
TGCTGCTCAATTGTATATATTTCCTCTTGTGTTGTAGTGTGCAATAGTAGTATGTATCCTG

TTGTAGTACGTGATAGAGATGGGGGGGAATATCCTGTAGTACTGTGGACACCTGCAGATG
TGCAGGTGTTATCCCTGTTGTTGCTTTTCGTGTGTCTTATTTTGTATTATTTTACCTGC
GTCTGTTGCAGTAGTTACCTTACCCATTGTACCTATATGTATTGTATACACAGTGTATGT
AGACACATGTAGTGGGTTTGTGGGTGTCATACATTTATTGGGTGTGGGGTATTCATTATA
GTGGTGTGGTTTGGTGTTTTGTTTTGGCTTTTGTATGGTTTGTATTTTCATTTTTTT
ACATTATATTGCTAAATAAATTTTAGTATGCATCGCTCTAAACGTCGCAAGCGTGCCTCC
GCTACCCAATTATATCAAACCTGCAAATTGGCAGGTACCTGTCCCTCCGATGTGATCAAT
AAGGTGGAACACACCACACTTGCAGACAAAAATCCTGCAATGGGGTAGCTTGGGTGTCTTC
TTTGGGGGTTTGGGCATTGGAACAGGGTCCGGCACTGGTGGGCGCACTGGATACATCCCT
ATTGGGACCCGACCCCCCACTGTTGTGGATGTTGGCCCTCCTGCCCCCCCCCTGTCGTT
ATTGAACCCGTGGGGGCATCCGATCCTTCTATTGTACATTGGTGGAGGATTCCAGCATA
ATTGCATCGGGCTCTCCCCATCCCACATTACAGGTACCGGGGGGTTGAGGTTACAACA
GCCTCTACCACAACCCCTGCAGTGTGGACATAACTCCATCCGGTGGCAATGTGCAGGTT
AGCAGTAGTAGCTTCATTAATCCTTTGTTTACTGAGCCTGCTATAGTGGAACCTCCGCAG
GCAGGAGAGGTAACAGGCCATGTTTTAGTTAGTACCCCTACAGCTGGATCCCATGGCTAT
GAGGAAATCCCTATGCAAACCTTTTGTGTACGGGGTACTGGTGTGAACCTATTATTAGT
ACCCCGTTGCCAGGGGTCCGTGCTGTGGCTGGGCCCCGGTTGTACAGCAGGGCATAACCA
CAAGTACATGTACAGGACCCAGGTTTTTATCACAGCCTGAAACACTTGTACCTATGAC
AATCCTGTATTTGACACAGGAAACCATACTATTTGAGCATCCTAGTATTCATCAGGTC
CCGGATCCTGACTTTTTTGGATATTGTGGCTCTACACAGACCCGCCCTTACTGCACGCAGG
GGTACCGTCCGTCACAGCCGTCTGGGTGAGCGTGCCACATTAAAAACCCGAGTGGCAAG
CGCATAGGTGCCACAGTACATTTTTATCAGGATTTAAGCCCTATTGCACCTGTTGCTGAC
GAGCTGGAATGCAACCTTTGGTTTCTGACACTCCTGATTATCTTGATTCTCTATATGAT
ATATATGCTGACACTGCTTCTGTGTCCCGTCACCGCACCTTGACCCCTACACGCCCCCTCC
ACACCTTTACAGGCTCCATCAGTGACTGCATCGTCTGCCCTATCATCTGCAGCATCCAAT
ACCACTGTGCCCTCTATCTACAGGCCTGGATATTCCTGTCTTTAGTGGGCCTGACAGTGCC
CTCCCGGATTCCCATGCTGTTTGGCCCGTGCCCCCTGCCCTCCCGGTGTTGTTCCCTGGC
TCTGTTCTTGTAATGGGTCCACATATTATTTGTTGCCCCCATTAGGTTTGCTACCTAAA
AAACGTAAACGTTTTCCATATTTTTTTGCAGATGGCAATGTGGAAGCCTAGTGACAACAA
GGTATACCTGCCTCCTGCCCTGTGTCCAAGTCCCTCAGCACCGACGCCTATGTATCCAG
AACAAACATATATTATTATGCAGGCAGTTCCCGACTGTAACTGTTGGCCATCCTTATTT
TGCTATCAAAAAGCAATCAGGAAAAAACCTATAGTGGTTCCCAAGGTGTCTGGATATCA
ATATAGGGTGTTTAGGGTACGTTTGCCTGATCCCAATAAGTTTGGCCTTCCTGATGCATC
GCTATACAATCCTGACTCGCAGCGCCTTGATGAGGCTGTACAGGTGTTGAGGTTGGCAG
GGGACAGCCTTTAGGCGTTGGGGTAAGTGGCCACCCGTTGTACAACCGCCTGTATGACAC
TGAAAACACCAATTTATATGATGTTGTGCTGGCGATGACACCCGGGACAATCTTACTAT
GGACTATAAGCAAACCCAGCTATTTATTATAGGGTGCAAACCTCCTTTAGGCGAGCACTG
GGCAAAGGGTACCCCATGCAATATGTCTAATGTACAGGCTGGGGATTGCCCTCCTATAGA
ACTTAAATCTTCCACAATTCAGGATGGGGACATGATAGATACTGGTTTTGGTGCTCTTGA
TTTTGCAGCGTTGCAAACCAATAAGTCTGATGTGCCTTTAGATATTGTAACCACTACATG
CAAGTACCCTGATTTTTTGCAGATGGCAGCTGAGCCATATGGTGACCTTATGTTTTTCTG
TTTACGTAGGGAACAGATGTTTATAAGGCACTTTTATAACAGAGCAGGTACTATGGGCGA
CGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCTACCTCTCGTGGCACTCCTAC
AAGCTCTGTATATGGGTCCACGCCTAGTGGGTCCATGGTTACCTCTGAATCCCAGTTGTT
TAACAAGCCCTACTGGCTGCAACGAGCACAGGGCCCTAACAATGGTATCTGCTGGGGTAA
TCAGCTTTTTGTAACGTGTGGTTGATACTACACGTAGCACCAATATGACTATTTGTGCCAC
ACAAACACCCCTCTGACACATAACAAGGCTTCCAATTTTAAAGAGTACATGCGCCATGGCGA
GGAATTTGATTTGCAGTTTTATTTTCCAGTTATGTGTTATTAATTTAACTACAGAGGTTAT
GGCCTACTCTGCATGATGAATGCTACGTTACTGGAAGACTGGAATTTCCGTTCCCTTGCC
CCCTCCCACCTAGTGTGGGCGATACCTACCGGTTCCCTACAGTCCCAGGCTATTTCCCTG
TCAAAAACCTTCTGCTGTCCCTACAGAGAACAAGGACCCTTATGCAGGGCTTACATTTTG
GGAGGTGGATTGTCTGAACGTTTTTCCCTTGAGCTAGACCAATTCCCTCTTGCCAGGAA
ATTTTTGCTGCAGCGTGGCACCCGGGTACGGTGTGCTCCCTGTGTCCCGCAAGCGTCCCGC
ACCCTCTACCGCCCCCTCTACAAAACGTAAACGGTCCAAACGTTCCCTAAGCATGTTATGT
GTGTGTCTGTTGTATGCTGATGTTTACTGTGTCTGTACACGGGTTCCTTGTACTGTTGTG

TATGTATGGGTGGCCCCCTTTTGTATGTATGTTTCCTTATGCATGTTTGTGTGCATGTT
TTGTATGTTAATAAATGTGTGTGTGCATGTGTTGTGTGTGTCCGGTTGCGCCTTGTGAGTC
ACATAACATATATGTGTGGTGTCTGTATGTGACCCGGCCGTCCCCTAGCCTTTAATACC
CCCGGACCGATTTTCGGTCGCTCCCGGTTTCGGTCGTGCACAACATGGCGTTTGTGGCA
CTGTTTGCAAACTGTTAGCTGTTTCGCGCCACATTTTGCAGGTGTGCATGCTTGTCTAG
GGTGTGCCTGACAGTTAGTTGGCCAGCTATACATTTCTTTCACAATATTTATTGTCTGTG
TTACTCACACTCCAATAAATATACTTTTAGGCACATAGTTTTATGCTGACTGCTTTCCT
TAAGTGCTTATCTGGCAGGCAAATTTGCTTTTCTATTCAACAATGTGTCTTGTAAATCCT
ACTGTACAACCTTCAAACATGTTTGTAGCACACCTAATCCGGTTGCTTCCCCTGTACATCT
TACTCATTATTATAAACTATAATCGTTCTATTACAAAATAGGAGGGACCGAAAACGGTCC
AACCGAAATGGGTACATATAAAAAGGATATGTTAACTTCAGCACAAAATAGCC
>gi|9628437|ref|NC_001676.1|_Human_papillomavirus_-54,_complete_genome
TAACTACAACCATGATTTATAAAATAAGGGAGGGACCGAAAACGGTTCAACCGAAACCGG
TACATATAAAAGCGGTTGTAGAAAACAGTTATTTGGGGGCAATGTCTGCTACTGAACCCC
ACACGGACCAGCCGCTACTCTAGCTGATTTGTGCAAGGTATGCAATATTCCTATGCATA
GTTTGCAACTTCCCTTGTGCCTTTTGAAGAAGACGGTGTGTACAGCAGAGATTTATGCAT
TTCAATATAAGGACCTATTTGTGGTGTGGAGACACGGCTTTCACATGCTGCATGTGCAC
TGTGCCTAGAACTGCACGGGCAAATAAATTATAGAAGGCATCGCGACCGTGCGTGCCTGT
GGGAAACAGTGGAAACAAGGTGTGGAAAGCCATTGGAAGAAATATTTATAAGGTGCTGGC
TGTGCCATAACCTTTGTGCAACGTGGAAAAGCAACGGCACGTAGATTACAACAGGCGAT
TCCACTGTGTTAGAGGCTATTGGAAGGGTAGGTGTCTACATTGCTGGAAGCCATAATGCA
TGGAAATGTGGCTACAATTGAGGATATAGTCCCTTGATTTAAAACAGAACCGTTTGACCT
GTACTGCAGGGAGCAATTAGAAGACTCTGATGCAGAAGATGAGACAGCAGTAACACAACC
TGACAAAACAAGCATTAAAGGTGTTAAGCCAGTGTGGAGGTGTGTGTTGTAAGACAGTACG
GCTATGTGTGTATAGCACGCACACAGGCATAAAGGTACTGCAGGAACTGCTTCATCAGGA
CGCACTGCAAAATAGTGTGTCCCACCTGTGCTTCACGACTATAACGGCATGGCGGATAACC
AAGGTACAGAGGAGGAGGGGACTGGGTGTAATGGATGGTTTTTTGTGGAAGCAATTGTAG
AACGTAACAGGGGATATTATTTAGATGATGAGCCTGAGGATGTGGAGGACAGTGGGC
TTGATATGGTGGACTTTATTGATAATAGTGTGTACAGGTAGAGGGGCAGGAAAATCCAC
AGGCATTGTTACATGCCAACAGCTGCAGGCAGATGTAGAGGCAGTGCAACAATTAAAAC
GAAAGTATATAGGCAGTCCGTATGTAAGTCCTGTTGCAAACAGCGAACCCCTGTGTAGAAA
AGGACCTAAGCCCCCGGCTAGGGGCTATATCCCTAGGACGGCGGTGAGCCAAAGCCAAAC
GACGGCTGTTTGATAAGGCCCCAACCGCCGCCAAATGGCCATACTGACGTGGAAGCTGCGG
TGGAGGTAAATACCGAGGGGACAGATGAAACAGAGACAGACCAGGTGCAGACAGTATCTG
GGGAAACAACCTACAGATAGCCTAGGAAGGCAGCAAATTACAGAATTAATACATAACACAA
ATATTCGTGTAGCATTTGTTTGGTATGTTTAAAGACCTATATGGATTAAGTTTTATGGACC
TAGCACGGCCATTTAAAAGTGACAAAACAGTGTGTACCGATTGGGTTATTGCAGCATTTG
GAATATATCATGGTATTACAGATGGATTTAAAACATTGCTAGAGCCACATTGTTTGTATG
GCCATATCCAATGGCTAACATGTAGGTGGGGCATGGTATTATTATTATTAACAAGATTTA
AATGTGGCAAAAACAGATTAACAGTAAGTAAATGTTTAGGAATGTTATTAAATATACCAG
AAACCCAAATGTTAATAGATCCTCCAAAATTACGGACGCCTGCAGCAGCTTTGTATTGGT
ATAGACAGGGGCTGTCCAATGCAAGTGAAATATTTGGTACACCCCCGGAATGGCTGGCCA
GACAACTGTAATTGAATATAGCTTAGCAGACAGCCAGTTTGATTTATCTAAAATGGTAC
AATGGGCATATGACCATAATTATATTGATGACAGTATTATTGCCCTGGAATATGCTAAAT
TAGCTGATATAGATGAAAATGCGGCTGCCTTTCTAGGAAGTAATTGTCAAGCTAAGTATG
TAAAGACTGTGGAACAATGTGTAGACATTATATAAGGGCACAAAAAATGCAAATGACAA
TGTCACAATGGATTAAACATCGTTGTGATTTAGTAGAGGAGGAAGGTGAGTGGAAAGGAAA
TAGTACGATTCCCTAGATATCAACATGTGGATTTTATATCTTTTATGATAGCATTAACAA
AATTTTACAAAGGCATACCAAAACACAATTGTATATTACTGTATGGACCTCCAGACACAG
GAAATCTAATTTTGGCATGAGTTTAATTAGCTTTTTTAGGAGGTGTAGTGCTATCATATG
TTAATTCTAGTAGCCATTTTTGGTTAGAACCCTTGGCAGATGCCAAAATAGCTATGCTAG
ACGATGCTACAACACAATGCTGGAACATATGGACATTTATATGCGCAATGCATTAGATG
GCAATCCTATGTGCTTTGATAGAAAACATCGAGCTATGGTGCAAAACAAAATGTCTCCAC
TAATAGTGACCTCCAACATAAATGCTAGTACAGACGACAGATGGCGCTACCTACACAGTA
GAGTAAAATGTTTTTGTTTTCCCAATAGATTTCCATTTGATAGTAATGGAAACCCCTGTGT

ATGATTTAAGTAATAAAAAATTGGAAATCATTCCTTTAAAAGGTCATGGTCACGTTTAGCGC
TGAACGACAACGATAACGAGGAGGAGGAGAATGGAGACCCTAGCAACACGTTTAGATGTG
TGCCAGGAAAGGCTTCTAGACCTATATGAAAAAGATAGTAATAAACTAGAGGACCAAATA
GAACATTGGAAATGCATACGCCTGGAGTGTGCATTGCAATACAAAGCCCCGGGAAATGGGA
TACAAAGTGTTACAGCACCAGGCACTGCCTGCACCTGCTGTGTCAAAGGGCAAAGGGCAC
AAGGCCATTGAACTGCAACTTGCATTAGAGACATTGCAAAAGACAGTATACAGCACCAGAA
CCGTGGACATTACAGGACACATGCCTGGAACGGTGGAATGCACCACCAACTGGTTGCTTA
AAAAGACGTGGACAAACAGTAGATGTTATATTTGATGGGCATCAGGATAACACAATGCAA
TATGTAATGTGGGGAGATATTTATTATCAAAACTGTGATGGGGAGGGATGGACTAAGGTG
TGCAGTAATATAGATGCAATGGGTATTTATTATATGGATGCAGAACACAAAGTGTATTAT
GTGGATTTTAAAAAGGAAGCATCTAAGTATGGGGAATATGGACAGTGGGAGGTGCGTATG
GGCAGCAGCATCATTTTTTCTCCTGCATCTGTATCTAGTACCGAAGAGGCATTGTCAATA
TCCTCTACTGGCACTGCTGAACACACCAGACCAGCCAATTCCACACCACGTACCGACAAC
TCCACAAAAGCAATCCCGTGCACGCCGCCCGCTAGAAAACGAGCTAGAGTCTACAGCACA
GACCAGCAACCACACAGCACCTCAGACCCCGTGGGCTGTGACAACGACAGGCACATCAGT
GACGATAACAACAAGAACCAAGGACGGCACACAAGTAGTGGTGACACTACACCTATAGTG
CACTTTAAAGGTGAACCTAATACATTAATAATGTTTTAGGCAAAGAATACAAAAGTATAAA
CATTTGTTTGAACAAGCATCCTCAACATGGCATTGGGCATGTGTACCAGGTACCACCTAAG
AATAGGGGCATTGTAACATTAACCTATAGTAGTGTAGAACAAGGCAACAATTTTTAGTA
ACTGTTTCGCATTCCACCTAGTATATCTATGTCATTAGGGGTAATGTCATTATAACAGATA
ATCATGTTAAAGTTTTGTGATTGTACATACTATATTGTAATAACAGCCAATACTGCTG
CTATGTGTATATAGTGAGGTATGTATGGTGAGTATGGTAGTGAGTGCATGCAGGCCTGCA
GTGACTGAGGTGAGGTGTGTGTGTAGGTGTGTGTAGTGTATGCAGTAATAATGTTGTATA
CAGTAAGTTGGTTAACATGTTGGTTTTTTATTATCCATGTTATTATGGCAATGTATTACAA
CAGCATTTACTTTTTTTCTTGTAGCCTTTATTCTATTGTGGGTACCTGCCCTGTGTGTTT
ATGTGCGCCTTGCCAGGCTTCTTGAACCTTGACCTTCACCTTTACATAAGGTGTTACTGTGC
ACACCTACTGTGGATGCCCTGTGTAACCTGCTTACCATAGTATAATAAATATTGTGTAGA
TATATTTGTGTATTATGGCTAAAGCAAGAGCCCCACGCCGAAACGTGCATCTGCAACAC
AATTATATCAAACATGCAAGGCCTCTGGCACATGCCCTTCAGATGTAATTCCTAAGGTAG
AGGGTACAACCTATAGCAGATCAAATCCTACGATGGGGCAGTATGGGCGTGTTTTTTGGGG
GCTTGGGAATAGGTACTGGTAGTGGCACAGGGGGCCGCACAGGGTATATACCACTTGGAC
GACCTCTACTACCCTTGAACCAGGTCCCTCCTGTACGTCCCGCAGGGGCTGTAGAAACAG
TAGCACCTCTGACCCTTCCATTGTGTCTTTAGTAGAGGAATCTAGTGTGTGGATGTTG
GGGCACCAACCCCTACCATTCCATCACAGGGTGGGTTTGAATAGCCACATCTAGTGATG
CTACCCCTGCTATATTAGATGTCACCTCCACTACCACCCCTATTAGGGTGTCTATAACAT
CCCATGATAATCCTATATATACAGAGCCATCATTATTAGACCCCCCCCCCTCCAGTACAAA
TGGATGGTTCGTGTTTTAGTATCTACCTCTACTTTGCAATCGTCCACTGCTGAAAATATAC
CTATGGACACTTTTATAATTATGCAGGACCATATAGGCACAACAACCTAGCACACCTATAC
CAAGGCCGCCTGCACGCCCACGCTTAGGTTTATATTCCCGTGCGTTACAGCAAGTGCCTG
TACAGGACCCTGCCTTTTTTACAACAGCCTTCCAGTCTTATAACATATGACAATCCTGTAT
ATGAGGGTAACCCAGATGTTACCCTACACTTTGAGCAGCCCACAATACATAATGCACCTG
ATCCCGCCTTTATGGACATATTTGCTTTACATAGACCAGCACTTACAACTCGTAGGGGGG
TTGTACGTTATAGTAGGGTGGGCGACAGGGCCACATTACACACACGTAAGTGGCCTGCAAC
TTAAACCTCGTGTGCATTTTTTTTTCAGGACTTAAGCCCTATTGCTCATGTCCCTGAGGAAA
TAGAATTACACCTTTAATATCTGCAACAATAACAAGCATTAAACAATGGTCTTTACTCAG
ATATATATGATGTATATGCTGACACAGATTTTGCTGACACTGGTGGTTTTCTCTCTCTA
CTGTTTCACATAGTTCTGTACAAACAGCCCTACAACTACATCTATACCATCTCAGTATG
GTAACACCACAGTTCCCTTAACCTGCCTCATCGCCATATACACCTATACCCACATCCTTTA
GGCCCTCATCAGGTACACACCCCATTTGTTCCCGCACGTCCTATATTTCCACAAACACCCA
TTGCTGTTAATGGTGGGGATTTTTTACCTGCATCCTAGTTATACTTATGTACGCAAACGCC
GTAAACGTTTCCCATATTTTTCTTGAGATGGCTATGTGGCGGCCTAGCGAAAACAAAGTA
TACCTGCCTCCTACCCAGTTTTCTAAGGTTGTCAGCACGGATGAATATGTGACTCGCACA
AGCATATACTATCATGCAAGCAGCTCTAGATTATTGGCTGTTGGACATCCATATTTTTAAA
GTACAAAAAAACCAATAATAAGCAAAGTATTCCTAAAGTATCAGGATATCAATATAGGGTG
TTTAGGGTGCAACTACCTGATCCTAATAAGTTTGGACTGCCTGATCCTAGTTTATATAAT

CCTGAGACACAACGCTTAGTATGGGCATGCACAGGTGTGGAGGTTGGTAGGGGCCAGCCA
TTGGGTCTTGCCCTAAGTGGTCATCCATTATTAAATAAATTGGATGATACTGAAAATGCA
CCTAAATATGTTGGTGCAGGAGCTGACAATAGGGAAAATGTTAGCATGGACTATAAACAA
ACACAGTTATGTATTTTGGGCTGCACACCACCTATAGGTGAACACTGGGCTAAAGGCAAC
CTATGTACACCTAATACATTGGCTGCTGGTGA CTGTCTCCTTTGGAATTAGTAAATTCA
TATATACAGGATGGTGATATGGTAGATATAGGATTTGGGGCTATGGATTTTAAAACCCTA
CAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTACCTCAATTTGTAAATATCCTGAT
TACCTTAAAAATGGCTGCAGAGGCATATGGGGACAGTTTATTTTTTTTACTTAAGGCGGGAA
CAAATGTTTTGTTAGGCATATGTTAAATAGGGCAGGTACCATGGGTGAGCCTGTACCTAAT
GACTTATACATTAAGAAATCCTCAGGTAACCTTGACAGTTCTATTTATGCTGCAACTCCT
AGTGGCTCTATGGTAACATCTGAATACCAAATATTTAATAAGCCATACTGGTTACAACGG
GCCCAGGGTCAAAACAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGGTGTTTTTAACAGTTGTAGAT
ACCACCCGTAGTACTAACCTAACATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAAT
AATTCTGACTTTAGGGAGTATATTAGACATGTGGAGGAATATGATTTACAGTTTATATTT
CAGTTATGTACCATAACCCCTTACAGCAGATGTTATGGCCTATATTCATGGAATGAATCCC
ACTATTCTAGAGGACTGGAACCTTTGGTATAACCCCCCAGCTACAAGTAGTTTGGAGGAC
ACATATAGGTTGTACAGTCACAGGCCATTGCATGTCAAAGAATAATGCCCTGCAAAG
GAAAAGGAGGATCCTTACAGTAAATTTAATTTTTGGACTGTTGACCTTAAGGAACGATTT
TCATCTGACCTTGACCATTTCCTTTGGGTGCGCAAGTTTTTACTACAGGCTGGCCTACGT
GCACGTCGCGCCTTCGGCCTGTAAAGCGTGCAGCCCTTCCTCCTCTAAGGGTACAGCG
CGCAAGCGTGCTAAAACTAAAGGTAACAGTGTTGTATGTTGTGTTGTTATGTGTTGTTG
TGTTTTGTACCTTGTCTGTGTGTATGTTGTGTATGTATTATGTTATGTGTGGAATGTTTGT
GTGTCTTATTTATGTTGTGACTCGTATGTTATATATGTTGTATGTTTTCTGTATTATAT
ATAATAAAGACTTTTGGTTGCACCCTATGAGTAACTTTTGTGTGATGTTGTTTGCTACGTG
CTTAGTAGCCTTTACCTTTTACCTTTGGTGTCCATTTTGTATAATCTCCATTTTATATA
ACCGAAACCGTTTTTCGGTTGCTGTTGGCACTAAAACTGTGTTTTAAGCACTTTGTATCGT
ACATCTAATCTTTTGGGCGCCGCCACATCCTGCCCTGGTAGTTTTGCCAGCACATCTGCA
CACCCACACATTTATACTGTGACAACAACCTTCACTTTCCATTGTGTAAAAACACGCCCT
TTGCATTCCAACATTGATTTATATATTTTTTACATAATAAAACATGCTAGTAGGCACATA
TTTTAGCTGTGTAACTTAGTAAGTGCATAGTTGGCAAATAAAACATAGGTGTATGCCA
GGTACGTGTCTGTACAACAGTGACTAATTCAGGAAACCGATTTTCGGTTGCTCACCCATTA
TCTTTTTTATCATTATTAT

>gi|9627377|ref|NC_001593.1|_HumanPapillomavirus_type_53,_complete_genome

GAAAGTAACAATCCTACTTTTATAGACAGGGAGTAACCGAAATAGGTTTAGGACCGAAAA
CGGTACATATAAAAGCACTGTGTACAACACCCAGGACATCCATGGATCGTCAGTTATTTG
AAAATACAGAAGAGCGACCACGTACATTGCACCAGCTATGTGAAGTTGTGAATAAACCAT
TGCTGGAGCTGCAACTTGGCTGTGTGTTCTGCAAGAAGGCATTGACAGCGTCAGAGGTAT
ATAATTTTGCATATACAGATCTAAGAGTAGTGTATAGAGACGGGTATCCGTATGGAGTGT
GCAAAATCTGTTTGCTATTTTATAGTAAGGTCCGAAAATTAAGATATTACAATTGTTTCAG
TGTAACGGGGCTAGCCTGGAAGCACTAACTAAAAAAAAGTTATCTGATTTATCAATAAGGT
GCTACAGATGTCAACATCCGTTGACACCAGAGGAAAAACAGTTACACTGTGACTATAAGA
AACGGTTTCACAAAATTTACATATGTGGACCGGGTCGTGCCTGACATGCTGGAGACACA
CAACAGCAACTGAATCAGCAGTATAATCATGCACGGTAACGTACCAACACTTCCACAATA
TATTATAGAATTATACCACAACTGAGATTGACCTGCAATGCCATGAGCAATTGAACAG
CTCAGAGGATGAGGATGAGGATGAAGTAGACCATCTGCAGGAGCAGCCACAGCAAGCTAG
ACGGGACGAACAACATCCTTGTTACCTAATTGAAACACAGTGTTGTAGGTGTGAGTCGTT
GGTGCAGTTGGCTGTTTCAAGATTCAACAAAAGAGCTGCGTATTTTACAACAAATGCTTAT
GGGCAGGTGGAGCTTGTGTGCCCTCTGCGCAACAAGGCGATAACTGCAATGGCGTCA
CCTGAAGGTACAGATGATGAGGGGGATGCCGGGGATGGTTTTACGTGGAGGCAATAGTA
AAAAAACGTACAGGGGATGTAATATCTGAAGATGAAACAGACGAGGAAAGCACCGAATCT
GATTTGGATGGGTTTATAGACAATAGTAATATATCTACACAGGCAGAAAGGGAGACA
GCTCAGCAGTTGTTACATGCCAAAACACACATGCAGATACACAGACGCTGCAGAAATTAA
AACGAAAAGTATTTAGGCAGTCCATTAGGTGATATTAGTAATCAGCAAAACAGTGTGCCGGG
AAGCTGTAAAACGAAGGCTAATTGATACAGAAGTGCCGGACAGCGGGTATGGCAATACTT
TGGAACCGTGGAAGCAACGCAACAGGTACAGGAACAGTATGTAAGGGAGGCAAGTGCGCG

GAAAGAGCAAAATGGAGGCTCACAAACATAGTGTGTGTAGCAGAGATGGGAGCATAGGGTC
AGGAAGTGATATGGATGTGGATAGACAGGATATAATGCCACTGCAACAAATACAAGATAT
ATTAAATGTAGTAATGTGCAGGCCAAGCTATATTGTAAATTTAAAGATATATTTGGCAT
ACCATTTTCAGAGTTGGTACGAACATTTAAAAGTGATAGTACATGTTGTCATGATTGGAT
ATGTGCTATATTTGGAGTAAATGAACATTAGCAGAGGCATTAAAAACAATTATTTAAACA
CAGTGCATATATTACCATATGCAATGTTTAAACATGTACATGGGGCGTGTTATATTATTG
TTAATTAGATATACGTGTGGCAAAAACAGAAAAACAATTGTAAAGTCTTTAGCATCCATA
TTAAATGTACCAACTGAACAAATGCTTGTGCGAGCCTCCAAAAATACGTAGCCCTGCGGTT
GCATTATACTTTTATAAAACATCTATATCCAACATTAGTGACGTGTATGGGAGTACACCA
GAATGGATAGAAAAGACAAACACAGTTACAACATAGCTTTGAGGACTGTCAATTTGAACTA
TCTAAATGGTGCAGTGGGCATTTGACAATGAAGTAACCGATGATAGTCAAAATAGCATTT
CATTATGCACAGTTAGCAGATGTAGACAGTAATGCACAAGCATTTTTTAAAAAGTAATATG
CAAGCAAAATATGTAAAAGACTGTGGAATAATGTGTAGACACTATAAACGGGCACAACAA
CAACAGATGAATATGAAACAATGGATAAAGCATGTATGTAGCAAGGTGGATGATGGTGGG
GACTGGAAGCCAATAGTACAGTTCCTAAGGTATCAAGGGGTCGAGTTTATTTTCAATTTT
AGTTATTTTAAATTATTTTACAAGGTACACCAAAACATAATTGTTTAGTTATTTATGGT
CCTCCAAACACGGGTAAATCATGTTTTGCTATGAGTCTTATAAACTTTTTTCATGGGTCA
GTCATTTTCATATGTAAATTCACACAGTCACTTTTGGTTACAACCGTTAGACAATACTAAA
TTAGTTATGCTAGATGATGCCACAGAGGCATGTTGGAAATATATTGATGAATACCTAAGA
AATTTATTAGTAGGGCAATCCTGTAAGCTTAGATAGAAAAACATAAGCAACTAGTACAAATA
AAGTGTCACCTGTACTAATAACAACCTAATATAAAATCCAATGCAAGATGCAAAGCTACGG
TATTTGCACAGTAGAATACATGTGTTACAGTTTTTAAATCCATTTCCAATTGATGTGAAT
GGAAATCCTGTATACCAATTAATAATGCAAACTGGAAATGTTTTTTTGAAGGACATGG
TCCAGATTAGATTTGGATAACGACGAAGACAAGGAAAACGATGGAGACGCTATGCCAACG
TTTAGATGCGTGCCAGGAGAAAATTCTAGACTGTTTTGAAAGAGATAGCAAAAATATTAC
AGACCATATAGACTACTGGAAGCTGTGCGACAAGAAAATGTAATATATTATAAGGCAAG
AGAAAATAATATGACTAACTAGGCCACCAGGTGGTGCCCTGTTTACAAGTGTGTAAAGC
AAAGGCATGCGTTGCTATAGAACTACAAATAGCATTGGAATCACTTTGTAAAACAGAATA
TAATATGGAAGAGTGGACATTAAGGGATGTATGTGAAAGTATGTGGTATACAGAACCCAA
ACAGTGTTTTTAAAAACAAGGACAACATATAGAAGTGTGGTTTTGATGGCAGCAAGGACAA
TCGGGCTGAATATGTTGTGTGGAATGGGTATATTATTGTGGGGAGGATGGGTGGTGTAA
AGTGTCTTCTGCAGTAAGCTATGAGGGCATATATTATATACATGACGGCCATAAAACGTA
TTATACAACTTTAAAGACGAGGCCACCAAATATGGGTGTAAAGGCACATGGGAAGTGCA
TATGGGAAAACAAAGTATTTATTGTCCCGACTCTGTGTCCAGTACCTTTAGATCCAACGT
ATCCTCTGTTGAAACTGTTAACGAATACTACTCCCATAAGACCCCCACCACCTCCACGCC
CGTGGGCACCTACGAAGCCTCATCATCCCTGCGGCCGGGAAAACGTCCCAGAACCACAGA
GCCCCGACAGTACTGACTCCACCACACAGTCCACTACCACAGCCAGAGAGTCCTACGCAGA
GTGTGTGCGCAAGGAACACAGACAACACAAAACAACACCAGAAAAACACCTCCCTGGTGG
AGCTTCGTGTAACAACACCGAAATCGACAGTGGTTATAAGACTGCACCTGTAGTACATAT
AAAAGGTGAAGCAAACAGACTAAAGTGTTTAAAGGTATCGGTTTTCAAAAACATAAACA
GTTTGTACTGTATCATCCACCTATCATTGGACAAATGTAACTGTGCTGTAAATAATAG
TTATATTACTGTTGTATATAAAGATGAAACCCACGCCAAAAATTTTTGGATATTGTAAA
AATACCCCTAGTGTATCACTGGTACTGGGACATATGACATGTGTTGATATGTAATGTTA
ATGTAATTGTTACATTATGTAATATTGTATTACAATAATACCTGGTATATACAATACTAC
ACACGCCATATATGCTGCTAGGCCTGTAACTTGCAACCATTGTGTTGTGTGTTAGTTTT
GTGTTTTTGCTTTGCTGCTTTGTGTGCCTGTTTGTCTGCTTTAATGTGCCGCTATTGCAG
TCTGCCTCTGTGTTTGCCTCGTGTATATTACTTATACTTTTTATTTTGGTTTGTGTGGCA
TCATCCTACATAACCACATTTTACACTATATATACTTTTTTTTTTACTTCCCTTTATTATGT
TTCTATAGCCATGCTGTGTGGTTAATTAACACACAATAAATCACAGTTTTTTTGTATTGT
ATGTATTGTGTGTTATATATAATAGTTTACCCACCGGGCACGCAGACGTAAGCGGGCATC
AGCAACGCAGCTATATCAACATGTAAACAATCTGGCACATGTCCTGAGGATGTTATTAA
CAAAATTGAACACAAAACCTGGGCTGATAAAAATATTGCAATGGGGTAGTTTATTTACATT
TTTTGGAGGCCCTTGGTATTGGCACTGGCTCTGGCACTGGGGGGCGTACAGGATATATTCC
TTTGGGTACTAGGCCTTCCACTGTTGTTGATGTAACCCCTGCTCGGCCCCCTATTGTTGT
AGAATCGGTAGGCCCCACTGACCCTTCAATTGTTACATTGGTTGAAGAATCCAGTGTAT

TGAGTCTGGAGCTTCGTTCCCTAATTTTACAGGTAAGTGCAGGATTTGAAGTAACATCCTC
CTCAACTACCACACCTGCAGTATTAGATATAACACCCACCTCTACCTCTGTACATGTTAG
TTCTACTACATATACTAATCCCACATTTGTAGACCCTCCTGTTATTGAGGTCCCCCAAAC
TGGTGAGGTATCTGGGAATATATTGATAAGTACCCCAACATCTGGGGTTCATAGTTATGA
GGAAATACCTATGCAAACATTTGCTGTTTACAGGTACAGGCAATGAACCTATCAGTAGTAC
TCCTATTCTCTGGTCTTAGGCGTATAGCTGCCCCACGTTTATATAAAAAAGCCTTTCAACA
GGTTAAGGTCACAGATCCTGCATTTCTTCACAAACCTGAAACTTTAATTAATGTTGATAA
TCCCATATTTTCAAAATGCTGACACAACGTTAACCTTTTACCATCAGGTGTGGCACCTGA
TCCTGATTTTTTTAGACATTGTGGCTTTACACAGACCTGCCTTTACAACACGTAGAGGTGG
TGTGCGTTTTTAGTAGGCTTGGCACAAAGGCCACTATGCGCACCAGAAAGTGGCAAACAAAT
AGGTGCTCGTGTACATTATTATTATGATGTGAGTCCATTACACAGACTGAAGAAATTGA
AATGCAGCCATTATTGTCTACAGATAATACATTTGATGGCCTATATGATATTTATGCAA
CATAGATGATGAGGCACCTGTGTCTCTCGTTTTTCTATTGCTACACCTTCTAGGTTGCC
TACCAACACTGTTCTTTGTCTTTTAGTGGTAGTACCTCTAATGTTACAATACCCTTTGG
TACATCTTGGGATGTTCCCATCTATTACAGGTCCCGATGTAGTGTGGCCACAGGACCCCC
TACATGGCCTTATGCACCTCAATCTCCTTTTGATAACCACCATGATGTAGTTATACAGGG
CTCCACATTTGCGTTATGGCCTGTTTATTTTTTGAAACGTAGGCGTCGTAAACGTATTCC
CTATTTTCTTGCAGATGGCGGTGTGGCGGCCTAGTGACAGCAAGGTTTATCTGCCTCCTA
CCCCCTGATCAAAAGGTCATTACAACGGATGCCTATGTAAAACGCACCACTATATTTTATC
ATGCTGGAAGCTCTCGCTTACCGTGGGACATCCTTATTACCCCATTTCTAAATCTG
GTAAAGCAGACATCCCTAAGGTGTCTGCATTTTCAGTATAGGTGTTTAGAGTACGCCTCC
CAGATCCTAATAAGTTTGGCCTTCTGATACAAATATATTTAATCCTGACCAGGAGCGGC
TTGTATGGGCTGTGTAGGGCTAGAGATTGGCCGTGGACAGCCTTTAGGTGTTGGTGTAA
GTGGCCATCCACTGTTCAATAGGTTGGATGACACTGAAAGCTCTAGTATAGCTATTCAGG
ATACTGCCCCGGACAGTAGGGATAATGTTTCAGTGGATCCTAAACAAACACAGTTATGCA
TTATTGGCTGTGCACCCGCTATAGGTGAACACTGGACAAAGGTACGGCCTGTCTGTTCCA
CACCTACTACAGCGGGCGACTGCCCCCATTTGGAACCTTATCAATTCACCTATTGAGGATG
GAGACATGGTGGACACAGTTTTTGGTGCATTAACTTTAAAGCTTTGCAGGAATCTAAAT
CTGATGTGCCATTGGATATTGTACAATCCACATGTAAATATCCCGATTATTTGAAAATGA
GTGCAGATGCCTATGGGGATTCTATGTGGTTTTATTTACGTAGGGAACAGTTGTTTACCA
GACATTTTTTTAATAGGGCAGGCGTTATTGGTGAGGAAATACCTAATGACTTATATATTA
AGGGTAGTAATGGCAGGGACCCGCCCCCTAGCTCTGTATATGTTGCTACACCTAGTGGGT
CTATGATAACTTCAGAGGCTCAATTGTTTAAATAAGCCATATTGGCTGCAACGTGCCCAGG
GACATAATAATGGCATCTGTTGGAACAATCAGTTATTTGTAAGTGTGTGGATACCACCA
GGAATACAAACATGACTCTTTCCGCAACCACACAGTCTATGTCTACATATAATTCAAAGC
AAATTAAACAGTATGTTAGACATGCAGAGGAATATGAATTACAATTTGTGTTTCAACTAT
GTAAAATATCCCTGTCTGCTGAGGTTATGGCCTATTTACATACTATGAATTCTACCTTAC
TGGAAGACTGGAATATAGGTTTTGTGCGCTCCTGTTGCCACTAGCTTAGAGGACAAATACA
GATATGTGAAAAGTGCAGCTATAACCTGTCAAAGGATCAGCCCCCTCCTGAAAAGCAGG
ACCCACTATCTAAATATAAATTTTTGGGAGGTCATTTGCAAAACAGTTTTTCTGCTGATT
TGGATCAGTTTCCCTCTTGGCAGGAAGTTTTTAATGCAGGTTGGGGTCCGTAATAACCGC
CTGTATCCTCTAAAAACGCTCTGCTTCTACTACATCTACCTCAGCCCCCTCCTCCAAGC
GCAAACGCAAATAGTATGTTGTGTGTCTGTATTGTGTATGTATGGTTGTATTATGTACTA
TTTATTTATTTGTGTATACTGTATGTGTGATTTGTTGTCTGTGTTGTATGACTGTATGTA
TGTGTAATGTTTGCATGTTGTTAATAAATATGAATGAGTGTTACTTTTACGCGTGGTTGC
ATAAACTAAGGCGCGGTGGTGTCCCTAGGCAGTTGGGTGGCATGTTAGGTGGCGTCCCTG
TTTATATACCAATCTCCACCCTGTATTATTAATATATGTACTGTTATCATGCAGTTACCT
ATACCACATATAGTATAGCTTATAGGTATCCATTTTATAGTTTGGCGCCTTTTGGTACCCT
CCATTTTGCCTTGCAACCGGTTTTCGGTTGTGTCATATCTTGTAATACCACAAGCATATTC
AGCAGAACTGTTAATCCTTTGGCATAGTGCCGTTTCCCTGTGTTTAAATGTTTTTTGTTTT
ATACACATAGCCTTACCTATTAGTCACTTACTGTAGGCTGCCAACTATGCTTTTACCTGC
ATACCTTAGTGCTTTTGGGCACACATTTTTATTTGCAAACATCTGCACTTTAGTGTTTTGG
CTTGACAGCATACGTTCTGCTAGCCAAGTATCTGTCTAGTAAACCAGGTGTGCACCTATTA
CTCATGCACCGCAACCGTTTTACGGTTTTGACAGCAACAGGCCTTTTTTTATAATTATT

>gi|9627305|ref|NC_001583.1|_Human_papillomavirus_type_26,_complete_genome

TAACAATTATATGTTACTAAAAGGGTGTAACCGAAAACGGTTGCAACCGAAAACCGGTACA
TATAAAAGTAAAAGGCTAGCTACGTGCAAAACAGCTATGTTTCGAGGATCCTAGAGAACGA
CCCAGAACGCTACATGAGCTATGTGAAAGCTTGAATACTACTTTGCAAAATTTGCAGGTA
CAGTGTGTATATTGCAAGGAAACCTTACAATGGGCTGATGTATATAATTTTGCAATTTGT
GACCTAAGAGTAGTATATAGAGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGCAAAAGATGTGTAATA
TTTTATTCAAAAATAACAGAGTATAGACGCTATACATGTTCTGTGTATGGTGCAACATTA
GAAGCCTTAACTAAAAAAGTTTATGTAATTTGTTAATAAGGTGTCATAGATGTCAAATG
CCATTGGGGCCAGAAGAAAAACAAAGAATTGTGGATGAAAAGCGACGATTTTCACGAAATA
GCAGGGCAGTGGAAGGGTGTGTACAAAATTGTTGGAGACCAAGGCGCCAAACAGAAACA
CAAGTGTAAGAACAATGCATGGAAAACATAATTAATATTGAAGATGTAATACTAGATCTG
GTGCCGCAACCCGAAATTGACCTACGCTGCTACGAACAATTGGACTATGAACAATTTGAC
AGCTCAGATGAGGATGAAACAGATAATATGCGTGACCAGCAGGCCAGACAAGCTGGACAA
GAAGTGTGTTACAGAATTGAAGCACAATGTTGTATGTGTAATAGTATAGTGCAGCTAGCT
GTGCAGAGCAGTCGACAGAACGTTTCGAGTGCTGGAGCAGATGTTAATGGAAGACGTGTCC
TTGGTGTGCCATCAGTGTGCTGCACAGTAAACCTGCAATGGACTGTGAAGGTACAAATGA
GGAGGGGCGGGGTGTACAGGGTGGTTTTTCAGTAGAAGCTATAGTGGAACAAACATACAGG
GGACACAATATCAGATGATGAAACAGACAATAGTAGTGATACAGGGTCGGACCTAATAGG
ATTTATAGATGATAGTAGTATAAGTGATTATGCAGAACAGGAGGTAACCCAGGCATTGTT
TCAGGCACAACAAAAACAGGCAAAATACAAAGGCAGTGCAGCAATTTAAACGAAAGTTACT
AGGTAGTCAGAACAGCCCGTTGCAAGACATAACAAATCAACACAGACAGCAAAGCGACAG
TCAGCAGAATACACACCAAGTAAATAATTCACAGGCCAAAAGGAGAGCCGTGGACAGTGT
ACCGGACAGCGGGTATGGCTATACTGAAGTGGAACCTCTTACGCCCGTACAGGTAGATAA
ACAATATGAAGAAAATGGCGGGTTGCCTAGTGTGTGTAGTCAGGGGGGTCAAATGCCTC
AGTGGAAGATATCGATGTAGACACACATGTAAACAGTGTTACACAAATATGTGAATTATT
AAAATGTAGTAATGTAAAAGCAGCATTGTTAAGTAAATTTAAACAGTATATGGTGTAAAG
TTTTGCGAACTAGTACGGGTGTTTTAAAGTGACAAAACATGCTGTTTCAGATTGGGTGTG
TGCAGCATTTCGGTGTGGCAGGCTCTGTAGCAGAAAGTATTAAATCATTAAATACAACAATA
TTGTTTATATTATCATATACAATGTTTAAACATGTAATTGGGGAGTAATAGTACTAATGCT
AGTGCGCTTTACATGTGCAAAAAACAGAACACAATTAAAAACTGCCTATGTATGTTATT
AAATGTGCCAGAAACGCAATTACTAATTGAACCACCAAATTTGCGAAGTACAGCAGTAGC
ATTATATTTTTATAAAACAGGGTTGTCCAATATAAGTGAGACATATGGAGATACACCAGA
ATGGATAGTACGACAAACACAATTAGAACATAGTTTTTGATGATGCTACATTTGATTTATC
AAAAATGGTGCAATGGGCGTTTCGATCATGACATAACAGATGATAGTGAAATTGCATTTAA
ATATGCACAGTTAGCTGACATAGATAGTAATGCAGCTGCCTTTTTTAAAGCAATTGTCA
GGCAAAATATGTAAAAGACTGTGCAACCATGACTAGACATTATAAAAGAGCACAGAAACG
ATCTATGTGTATGTCACAATGGCTACAATATAGATGTTCTAAAATAGAAGAGGGCGGGTC
GTGGAAGGAAATTGCCAAATTTTTTAAGGTTTCAACATGTAACTTTATTTATTTTTTACA
AGTGTTAAAAACAGTTTTTAAAGGGTACCCCAAAGCACAAATTGTATAGTAATATATGGACC
GCCAAATACTGGTAAGTCACAGTTTGCAATGAGTTTTTATAAAATTTATGCAAGGGTCAGT
CATTTTCATATGTAAATTCAAATAGCCATTTTTTGGCTGCAGCCTTTAGAAAGATGCAAAAGT
TGCAGTATTAGATGATGCTACATATAGCTGCTGGTTATATATTGATAAAATTTTACGTAA
CTTTTTTAGATGGAAATCCCTGTTGTATAGACAGAAAACATAGAAGCCTACTGCAAGTTAC
ATGCCCCCATTAATAATTACCTCAAATATAAATCCTCAAGAAGATAACTCACTTTTGT
TTTACATAGTAGAGTAACAGTGATACCATTTCCAAATACATTTCCATTTGACAGCAATGG
GAATCCTGTATATGCATTGACTGATGTAAATTGGAAAAGCTTTTTTTCCACCACCTGGTC
CAGATTAGATTTGGAGGAGGACGCGGACAAAGAAAATGGAGAACCTTTGCCAGCGTTTAA
ATGCGTGCCAGGAGAAAATACTAGACTATTATGAACTGGACAGTAATAAATTAAC TGATC
AAATTGATTATTGGAAACTGGTACGATATGAATGTGCAATATTTTATAAAGCTCGTGAAG
GAAACATGCAATGTATAAACCACCAGGTGGTGCCCTCTACTGTTGTGTGTAAACAAAAGG
CATGGCAGGCAATTGAAATACATATAGCATGTCAGTCGTTAATAAACACGGACTATAATA
CAGAAGCTTTGGACAATGCGAGACACAAGCTATGAAATGTATATGACAGAACCCTAAACATT
GTTTTTAAAAAAGAAGGAACAACGGTAAACAGTGGTATTTGATTGTAATAAGGAAAATACAA
TGGATTATATTAGGTGGAATATGTGTATTATAAACTGATATAGGGTGGTGTAAAGGTA
CTGGAGATGTTGATGCAAAAGGGATATATTATACACAAGGGGCATATAAGCAGTATTACG
TGGACTTTAAACAAGAGGCGGAAAAATATGGGACAGGTGTGCAATGGGCTGTACATGTGT

GTGGTCAGGTAATCTGTTGTCCTGAATTTGTATCTAGTACCTGCAGCAGCAACCAAATAT
CCTACTGCTAAAACCTGCTGAGCCAGTATCAAACGCCACCACCCAGACCACCGAAGCCTACG
TGCCCGTGGGCACCAGGAAACCGAGGCGCCATACCCAGGAAAGCGACGACGACTCAGTG
GACCTGACACCACCGTCACCACAGTCACCACTGTCACCACAGCTGCCACACAGCCCGGAC
AGTCAGTGGACTATACAAACAACAACCTACACAGTACAAGTGGAGGCCATCACCCGGGAA
GGGACACGAGTAGTGACCAAACCTGTGTTTATAGTACACCTAAAAGGTGATACAAATAGTT
TAAAATGTTTAAGATATAGATTTAAAAAGCATAAAGGATTGTATTGCAATGTATCATCTA
CCTGGCATTGGACCAGTAATGATACCAATCAACAAGGCATTGTAACAATTACCTTTAACA
GTATAACACAACGTAATAATTTTTTAACAACCTGTTAAAATACCACAAAAGTATAACTTCAA
CATTGGGAATAATGTCATTGTAATATAGTGTATATTTTACCAACACACAAGCCAATATGT
GCTGCTAACACACCTATATACCTGTAATCATTATTCCTTTTATAGTTTATGTGTTTGTGC
TTTGCGTGTGTGTGTGTGTGTTGCTGTGTTGTTTGTGTTGCCACTTTTGCTTTCCATTTATG
TGTTTGCAGCCTCGCTATTATTAGTGTGTTTGTGTTTGGTTTGTGGTATCTACATCATATA
TAACTACCTATATTGTGTATATTTGCTTATTTTTTATACCTGCTTGTTTTTACATTTTT
ATACTGTAATGGTAATTGCTACTTAGTCCCTTTAATAAACGTGTTACAATGGTAGCTGTC
CGTGCCCCCTCGACGCAAACGAGCATCAGCTACAGACTTATACAAAACATGTAAGGCCGCT
GGTACGTGCCCTCCTGATGTTATTCCATAAAATTGAAGGTTCTACCCCTGCTGATAAGATA
TTACAATGGAGTGGTTTGGGAATATTTTTAGGTGGTCTTGGTATAGGTACAGGAACCTGGG
TCTGTGGGCGTACTGGATACATTCCCTAGGAGGGGGTGGTAGACCCCTCTGTTGTGGAT
ATCGGCCCTACCCGTCGCGCCATTATTATTGAACCTGTGGGTCTTACAGAACCCTTCTATA
GTTACTTTTGTGGAGGAATCTAGTATTATACAATCTGGAGCCCCCTATACCTACATTTAGT
GGTGGCAATGGCTTTGAACCTTACCACATCCTCTGCAACAACACCTGCTGTGTTGGACATC
ACCCCTCTGCTGGTACTGTACATGTAACAAGTACCAATATACAAAATCCATTATATATT
GAACCCCTATAGATATACCACAGGCCGGGGAAGCATCAGGTCATATATTTACTACAACG
TCCACAGCTGGCACACATAGTTATGAAGAAATTCCAATGGAAGTATTTGCTTCTACTAAT
GGAACAGGATTAGAACCTATTAGTAGTACACCTATTCCTGGTATACAACGAGTGTACGCT
CCTCGTTTGTATAGTAAGGCCTATCAACAGGTAAAGGTTACAGATCCCAATTTTATTGGT
AATCCCTCCACATTTGTTACCTTTGATAATCCTGCATATGAACCTATAGATGAAACACTT
ACATATGCTTCCAGTAGTACTGTAGCACCTGACCCGATTTTTTTGGACATTATTGCATTG
CATCGTCCGGCCCTTACATCTCGCAAAGGTACTGTACGCTATAGTAGGTGGGTCAAAG
GCCACTATGAAAACACGTAGTGAAAAACAAATTGGAGCTACAGTACATTATTATCATGAT
ATTAGTCCTATACAGTCTTTTGCTGAACACGAAGAAATTGAATTGCAGCCTTTACATACA
TCTACCCATTATCATCTGCACCTTTGTTTGATATATATGCAGACCCTGATACAGTTCCTAGC
ATACATACGCCGCGCATGTCATATTCCCTTACAACATTACCAGTTCCAAGATATGCCTCC
AATGTGTTTTCTCTATTATAACTTCCACTACCAATGTTACTGTGCCTTTATCCACCTCA
TTTGAACCTACCTGTATATAGTGGGTGAGACATTTACACGCCACATCTTCCCCGACATGG
CCATCATTGCCCCCCCCACCCACCACTAACCTTACCTGCAATAGTTGTGCATGGGGATAAT
TATTATTTATGGCCCTATATTTATTTAATCCATAAACGCCGTAAACGTATGCCTTATTTT
TTTTCAGATGGCTTTGTGGCGTACTAGTGACAGCAAGGTATATCTTCTCCACCCCTGT
GTCTCGGGTTGTCAACACGGATGAATATGTAACCTCGCACCGGCATATATTATTATGCGGG
CAGCTCTCGTTTATTAACATTAGGACATCCATATTTTTTCCATACCTAAAACCTGGCCAAA
GGCCGAAATTCCTAAGGTATCTGCCTATCAGTACAGGGTATTTAGAGTGCACCTACCTGA
TCCTAATAAAATTTGGATTGCCTGATCCACAGTTATATAATCCTGACACAGAACGCCTGGT
GTGGGCCTGTGTTGGTGTGTAAGTTGGTAGAGGACAGCCATTAGGCATTGGCCTTAGTGG
ACATCCTTTGTTTAATAAGTTGGATGATACCGAAAACCTCTCATTGCTACTGTAAATGC
AGACACTGACAACAGGGACAATGTTTCAGTTGATAATAAACAACACAGTTATGTATTAT
AGGTTGTACACCGCCCTTGGGAGAGCACTGGGGTATTGGCACTATATGTAAAAATACACA
GACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAATTAATTTCCAGCATTATTGAGGATGGCGA
TATGATTGATACAGGCTTTGGAGCTATGGATTTTACTGCCTTACAGGCTACCAAATCAGA
TGTGCCCATTGATATTAGTCAATCCACATGTAATATCCTGATTATCTTAAATGTCTGC
AGATACATATGGAAACAGCATGTTTTTTTTTCTTCGCCGGGAACAATTATTTGCCAGACA
TTTTTATAATAAGGCGGGGGCTGTTGGGGATGCTATACCCACCACTTTGTATATTAAAGG
TGCTGAATCAGGCAGGGAGCCCCCTACATCTTCTATTTATTCTGCTACACCTAGTGGCTC
TATGGTTACTTCGGATGCACAACCTATTTAATAAGCCATACTGGTTACAACGTGCACAGGG
TCATAATAATGGTATCTGTTGGGGCAATCAATTGTTTGTACCTGTGTTGATACCACCCG

CAGTACTAACCTTACCATTAGTACATTATCTGCAGCATCTGCATCCACTCCATTTAAACC
ATCTGATTATAAACAATTTATAAGACATGGCGAAGAATATGAATTACAATTTATATTTCA
GTTGTGTAAAATAACACTTACAACAGATGTTATGGCTTACATACATTTAATGAATGCCTC
CATATTGGAGGATTGGAATTTTGGACTAACCTTACCTCCCCTGCTAGTTTGGAAAGATGC
CTATAGGTTTATTAAAACTCTGCTACTACCTGTCAGCGTAACGCCCCCTCCTGTGCCAAA
GGAAGATCCTTTTCAAAAATTTAAATTTTGGGATGTAGATTTAAAAGAAAAATTTTCTAT
TGATTTGGATCAATTTCCACTAGGGCGTAAGTTTATGTTACAGGCCGGCATACAACGGCG
GCCGAAACTAGGCACCAAACGTCCCTTATCTTCTACCTCTTCTCTACCAAACGCAAAAA
ACGTAAACTTACTAAATAATTCGCATGTTTGTGTGTGTGTATATGTTTGTGGTATGTTA
TGTAAGGTGTGTTTGTATGTGTGTACAACCTGTATGTAATGTAAAGGCGTGTTTGTATGT
ATGTATTATATGTATGCATGGTTATGTGTTTCTGTTTGTATGCATACTTGTTATTTAA
TAAAGTATGAATGTGTCTTCATGCATGGTTACATGTCTTTACTACACTATTTGTCATTTG
TTTTACCCCTGAGGTAATGGGAGGAACCTTAGGTGGTGTCCCTTATAATTATTATATTAC
ACAAGTTTACCTTTTATATGTATTTCACTAACTTTTGTAGTGTTATATTTTACTTTTT
ATATTTTCTATTACTATCTATTGTCCCAACCGTTTTCGGTCGTTCCCTATTTTAGTTTT
ATCCAACCTTCATGCTGTATCCTGCAGGAACAGTTAATCCTTTGGCAGACAACACATCCT
GCCTCCTACGCTTGGCTTGCCATTTTGGCACTATAAGTGGCGCGCCTGTATTAGTCACAT
ATATTTAAACAATACTTACATAAGCACTTTTCTTACATTATAATAAACTGCTGTTAGG
CACATATTTTATTTTATTTTATAGGTCCTTTAAGTGCATAGTTGGCTAACATATACACT
TTTGTTTTGCCAACATGTGTCTGACACATAGTTGTAACCCATAGTTAAACACAGGTGT
GTATGTAACCGAAATGTGTTTTGTTAATGCATGCAAGTTTCTTTATAATAACTTT
>gi|167600365|ref|NC_010329.1|_Human_papillomavirus_type_88,_complete_genome
ATAGTTGGCAACAATCACCTCTGCAGAAAAATATATAACCGGCAGTGTTACTGCAGATTAT
TATTTTTTTGCCGAAGTATGCAGATGGAGGATTCTTATCTACCAAAACGGCTAGATGACTT
CTGTTTCGATTTTTAATATTTCTCTTTTTGATGTGCATCTTCCTTGCAATTTTGTGGCTA
TATTTTGGACCTACAGCAGTTGGGTTCGTTCTATCAGAAACAGCTTAGTTTGGTCTGGAG
GAGCGGTGCTTGTTTTGCCTGTTGTGTCCCTTGTCTAGGCTTTCTGCTAGGTATGAGGC
TGAACGCTTTTACCGCTGCTCTGTAAAGGGAATTCATTTTGGAGATTTCCTAAGAAAGAA
TCTAGCTGATGTGGTATGCCGATGCTATGAATGTATGTCATTGCTTGATTACCTGAAAA
ATTAGATTGTATCTTTAGGGGTGAGTGTTCATCTTGTGAGAAACACTGGAGGGGAAC
GTGCAGAAATGTTGTAGAAAATGATTGGGAAGGAGCCCTCAATTAATGATCTAGAAATA
AAGCTGGAAGAACATGTATTGCCTGCTAACCTTTTAAGCAACGAGGTTTGTCTATCTGAT
GAGGAGACCCAGGAGGAGGAGGAGCGAGAACCCTTTCCAATAGATAACAGTTGCGCCTTC
TGTGAAGCAGGTGTAAGGGTATTTGTTCTAGCTTCACCAGCCGGAATTCGCACGCTTCAG
CAGCTTTTACTTGCAGAGATTTCCATAAGTTGCCCTGGGTGTTCCAGGAACAACTTTCGA
CATGGCAGACCCCAATAAAGGTACTGATACTACTGATAATTTTGAAGTGAATTTCTGAATG
GTTACTTGTAGATGAAGCAGAATGTGTAGACGATTTAGATGTACTTGATGAATTTGTTAGA
AGAAAGTACGCAATGTTCAACGGTTTTCAAACTTGATTGATGATGACCCAGTTGATATTGA
GGATCAGGGAAATTCCTTGGCCTTATTCAACAGTCAGGTAACAGAGGATTGTAACACAGC
TATAAGCGCCCTAAAACGAAAGTTAATCAAAAGTCCGCAGCTGCAGACTGTTGCTGAGTT
GAGTCCAAGGCTTCAAGCAGTTTCAATTTACCCAAAAAACAAAGCAAAAGACGCTTATT
CGATGACAGTGGCATAGGAGAAGATGAAGCTCAAAATACTTCTCAGGTAGCGTTGGACTC
CTTAGAAAAGCTCCTTAGAGACATCGGGAGCTGGGCTAACTATTAACCTTTTACATTGCAG
CAACCGACAGGCAACCGTCCATCTAAAATTTAAAGAACTCTATGGTGTATCATTTAAAGA
ACTAACTAGAAAATTTTAAAGTGATAAGTCTTGTTCCAATAGCTGGGTAATTGCTGTGTA
TAATGCTGTAGAAGAAGTTCTGGAGGCATCAAAGGTGCAGCTTCAGAAGCATGTAGAGTT
CTTACAGTTAATAGTGTATGGATTTTCATGGGTTGTATCTAATTGTATTTAAAGCACTAA
AAATGAGATACCTGTATCTAAATTTGTTTACGGAAATGTTAAATGTTAATGCTTTACAATT
AATGTGTGATCCACCAAGGACAAGAGTGTTCGGTAGCGTTATTTTTTTATAGAAAAAG
TTTGGGAATGCTTCTTTTATGTATGGAGAAGTTCCAGATTGGATTAAAAAACAAACCTT
GGTAGAGCATCAGTCTGCGTCAGCAGCAGACATTTGATTTTAGCTCTATGGTTCAATG
GGCATATGATAATGAATTCACAGAAGAAAGCAGAAATTGCCTATCAATATGCTTTGGCAGC
AGATGAAGATCCAAATGCCGAGGCATTTTAAAACATAATAATCAGTATAAATTTGTAAA
AGATTGTGCCGCAATGGTAAAAATGTATAGAAGGTATGAATTGAGACAAATGTCAATGGC
TGAATGGATAGATAAATGTTGTTCAAAATGTACCGAAAATGGTAACCTGGAAAATAATTGC

TACATTTCTGAAACATCAGAATGTACAATTTTTATCATTTCTCATTGCATTGAAACCTTT
CTTACAGGGTGTTCCAAAGAAGAATTGTCTGGTGTGTTGGGCCCCCTGACACTGGGAA
ATCATATTTCTGCTTCTCATTAATACGTTTTTTTTGGGGGAAAAGTTGTGTCCTTTATGAA
TAGAAATAGTCATTTCTGGTTACAACCATTGCAAGATACTAAATTAGGCTTCCTAGATGA
TGCAACACATCCATGTTGGGTGTATATGGATATTAACCTTCGGAATGGACTAGATGGTAA
TCTTGTATCTCTTGATGCAAAGCATAGAGCTCCAATGCAAATGAAATTACCTCCTTTACT
TGTTACCACTAACGTGGATGTAATGGAGGATCAATCCTTAAGATATCTGCATAGTAGACT
AGTATGTTTTAAATTCCCTAACAAATTACCACTGAATGACGATGGCTCCCTTGTATATGA
AATAACGAATGATACATGGGCCTGTTTTTTTTAGAAAATTTGCTACCCAGTTAAACCTGGT
CTTAGAAGATGGCGAGAATGGAAACACAGGAACTCTGACAGAACGTTTCGTTGCACTGC
AAGATGCCATATTGAATCTAATTGAAAGGGGAGAACTGATTTAAGATCCCAAATACAAT
ATTGGGAGCTGGTTAGAAAAGAGCAGGTGATCCTTTATTATGCTAGAAAAGTGGCTATA
ATAGACTTGGCCTGCAGCCTACTCCAGCACCAGCGGTTTCAGAATACAATGCTAAACAAG
CTATCCATCTCCAGCTTATGTTAAATCCCTTGAAAAATCAAAATTTGCAAAAGAGCCAT
GGTCATTAACCTGATGCAAGTGCAGAGCTTGTAATACTCCTCCTAGGGACTGCTTCAAAA
AAGGAGGATTTACAGTAACTGTGTACTTTGATAATGATCGAGAAAACAGCTTTCCTTACA
CACAATGGGAACATATTTATTATCAGGACCAGAACGAGCAGTGGCATAAAGTGCCAGGTG
GTGTTGATCACAATGGGCTGTACTATGATGAGGAAAATACCAATGAAAGGTATATTTCC
TTTTATTGTAGCCTGAGTCTCAAAAATATGGCAGTAGTGGACAATGGACTGTGCATTATA
AAAATACTACTGTTTTCTGCCTCTGCCACCAGCTCTTCTAGGCGGTCTCTACCCATCTCCA
CCAAAACCGATTTTCGACGCCACAACCGCCGGCAACACCACGACCTCTGCCCCGCAGAGAA
GTCCAAGGAAGCGACTACAAGAGGCGGTGAGCTCAACCACCTCCCCGCCGCCACAATC
TTCGATCTCCAGGAAGAGGACGAGGAGAAGGAGAACGAACCTCCGGAGCAAAGAGAAGAA
GAACAGCCACCGACGGAAACACTCTCGGAGAATCTGTCCCGTCTCCTTCGCAGGTGGGAT
CAAGACATAGAGCACCTGAAAGATCTGGTCTCTCGCGACTTGGACGACTTCAAGCGGACG
CTTGGGATCCCCCATTGATCATTATTAAGGTCTTGCAAATACCTTAAATGCTGGAGAA
ATAGAATGAAAAAAAATAGTTCCTCCAATTTAGTTTGCAGCTCAGTCTGGAGATGGATAG
ATAGTACCACCCATGAAAACAGCCGCATGCTTGTAGCATTTCAAAATACTGCTGAAAGAA
CTCGATTTCTAAATTCAGTGACTTTGCCAAAGGGTACAACCTACGCATTTGGTTACCTTG
ATTCATTGTAACCTATGTATAAAACCAGAAGTAAACGTGACACTGCTGAGAAATTTGTATAG
ACACTGTAAAGCTACTGGCAACTGTCTCCAGATGTAGAAAATAAAATAGAAGGCAATAC
ATTAGCAGATCGATTGCTGCGCATTTTTTGGTAGTGTATATACCTGGGGGGTCTGGGTCT
TGGTACAGGGGAGGGCACAACAGGTATTAGACCTATAGAAGCTCCTGTTGAAACAGTTTCG
CCCAGATATAACCGTAGAGAGACCCACAGTAAGACCAAGACCACAAAGACCTACCACCTT
CGGTACACCTATAGATAGAATTGGATCTGCTGATATCACTCCTAATGTAGTTAAGCCAC
AGAATCCTCTATCGTGCCCTAAATGAAAGTGGGATTCCAGACCCTACAATTATAGATTCT
TGCAACAGGGGGTGGTGAGGGTCTAGGAGAATATGACATATTGACCACTGTAGATCCAAA
TGAGACCTCTCGGAGCTACAGGGGGGCATCCTACCACCTTCTGGTACACTTAATAATGAAAC
AGCAATCTTAGACATCAGTCCCTATGAACCTCCTCCAAAACGTTTTGCACTTGCCCCAAG
TGTGCATGCAGAAGCAGACATTACTATTATAGAGAGCTCACTACCTACAGAATCAAACAT
AAATGTGTTTGTAGATGCTAATATTACAGGTGAAATTGTTGGTGAAGAAATCCCATTAGA
GCCTATAAATTCATAGAGAATTCGAAATAGAGGCTGGGCGCCAGACTAGTACTCCTAG
GGAAGCTGTTGAAAGATTTCTTGGGCGGGCCAGAAGCTTATATAATCGTTACATTCAACA
AATCAGAACAGACAATGTTGACTTTTTTAACCCGGCCTTCACGCGCGGTCAATTTGAATT
TGAAAATCCCGCCTTTACTGGTGATGTAAGTCTTGAATTTGCGCGGGATGTTGCTGAAAT
AACAGCGGCTCCTGATCCAGATTTTGCAGATATAATTAGGTTGGGCCGTCCCATATTTTC
TGAAACACCAGGTGGAACAGTGCAGTGCAGATTTGGGAACAAAAGGAGCGATTAGTAC
CAGAAGCGGTACCATAATAGGTCTCTCGTGTGCACTACTACTTTGATCTTAGTGCAATTGA
ACCTATAGAGCCTGATGTTTATTGAGCTTCTCAATTTAGGGGAGTTTAGTGGGGAAAGTAC
AATTGTAGATTCAATTTTTATCTGGGCATACAGTAGATCCTATAGCACCTTTTGAGTCAAC
ATTTTCTATTGCAGATCTAGAAGACCTTTACTAGAGGACTTTAGTAATAGTCACTTATT
TGTGCATTTTGAGGAAGAGGATGAACTTATATCTGTTCTACTCTTCCCTCCTGGCGCAGC
AATAAAAAGCTTTTGTAGATGATTATGCAGATATTATAGTTTCATATCCTGAAATGGTAAA
TGTAAAACAAAATTGAAATCCCTGCAACTACATTAGTGCCCTCTGAACCAGACATTAGACT
AGATTGGTTTTCTCCAGATTATGATTTGCACCCTTCTTTACTTCGTAGACGACGCAAACG

CAAACGCAATATGTTTTGATGTTTTGCAGATGGCATTATGGCAACAACAACTGGGAAGC
TGTTCCCTTCGCGCGCTAAACCTGTGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATGTTATTG
GAACTCAGTTACATTTTCATGCTGGCACTGATCGTCTGTTAACAGTAGACCATCCCTACT
ATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCCAACAAAATTGAGATTCCCTAAGGTGTCTGCATGCC
AATATCGAGTGTTTAGGCTGAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGT
CAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGGAAATTAAAAGGTATTCAAATTGGTA
GAGGTGGACCACTAAATGTAGGTACTGCAGGTCATCCTTTATTTAACAAAGCTCCAGATA
CTGAAAATCCTAATGATTATCCACCAGCTCAAACAGATGAAGACAGACGTAACGTGTCTA
TGGACCCCAACATACCCAATTATTTATAAATTGGTTGCATTCCCTGCAGATGGTGAATATT
GGGATGTTGCTAAACCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATAC
AGTTAGTTAATGCTGTTATTTCAGGACGGAACAATGGGTGACACAGGTTTTGGGGCAGCAA
ATTTTAAGAACTTTTTGCAAGACAAAGCAGGTGTTCCCTCTGGATATTATTAATGATATAT
GTATGTATCCAGACTTCCTTAAATGGACAAAGATGTTTATGGCGATAAATGTTTCTTTT
TTGGAACCGTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAATGGGAG
ATGCCATACCAGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAA
TGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAACT
TATTTAACAGACCTTATTGGCTACAGAGATCTTTAGGTGCAAATAATGGAATATGTTGGG
GGAATCAGTTATTTGTTACTGTTCTTGATAACAGCAGGAATACTAATTTTACTCTTTCCA
TTTATAACTCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTC
AGTATAACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTATATTCCAGCTTGTAGAGTTC
CTTTGGAGCCTGATATTTTAGCTCACTTAAATGTTATGAATCCTAATATATTAGATGAAT
GGCAATTAGCTTTTGTGCCTCCTCCTCCTCAGAGTATAGAGGACAATTATAGATATATAA
CATCTTTGGCAACAAGATGTCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATA
AAGATTATAATTTTTTGGTTAGTTGATTTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTGACCAAT
TTAGCTTAGGTCGCAAATTTTTGTTTCAAAGTGTTTGCTGCCCACAAAACGTGTCAGGA
CAGTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACAGTAAAAAGAAAACGAACACGAT
AATTGCATATTTAAGATAATTACATCCTGAAGCCCATAAACTGTGAAATAATTGCTGTG
ACTCTTGATCAACTTGGTACCAACTTGCTGATAATACTTGAAGGAATGTATTGATTAA
ATAAATTGCTGCTATACCATCAGTTGAGTCATGGGGTCGTCATTTATGGTCTCCACCCGT
CCACTCGACCTTATAAGTGTGGTCAGCAGGCTGGACAGGTAGTATTGTCCAGCGAAGTAA
TCCAGCTGTCAAACCATTAAAGGTAAGTTGTTTGAACATAGCCGTCTCTCGAACGGAAG
CGGTACAAAATGTGCCCTAAAGGCCTTTTAATAACCGTCTCTGGTATTTTGGCGCCTTTT
TTTTTCGCGTGACTGCAAGTTCAGACACTCATGTATTGAGTCAGACACATGGCAGAATATG
TTTTTGGCTGCCTGCCTATGTACCGGGAGTGGTGACCGGGAGTGGTGTTCACAGACATTA
ACAATG

>gi|222386|dbj|D90400.1|PPH58_Human_papillomavirus_type_58_complete_genome

CTAAACTATAATGCCAAATCTTGTA AAAAAGTGGGTGTAACCGAAAACGGTCTGACCGAA
ACCGGTGCATATATAAAGCAGACATTTTTTGGTAGGCTACTGCAGGACTATGTTCCAGGA
CGCAGAGGAGAAACCACGGACATTGCATGATTTGTGTGTCAGGCGTTGGAGACATCTGTGCA
TGAAATCGAATTGAAATGCGTTGAATGCAAAAAGACTTTGCAGCGATCTGAGGTATATGA
CTTTGTATTTGCAGATTTAAGAATAGTGATATAGAGATGGAAATCCATTTGCAGTATGTAA
AGTGTGCTTACGATTGCTATCTAAAATAAGTGAGTATAGACATTATAATTATTCGCTATA
TGGAGACACATTAGAACAACACTAAAAAGTGTTTAAATGAAATATTAATTAGATGTAT
TATTTGTCAAAGACCATTGTGTCCACAAGAAAAAAAAGGCATGTGGATTTAAACAAAAG
GTTTCATAATATTTTCGGGTCGTTGGACAGGGCGCTGTGTCAGTGTGTTGGAGACCCCGACG
TAGACAAACACAAGTGTAACCTGTAACAACGCCATGAGAGGAAACAACCCAACGCTAAGA
GAATATATTTTAGATTTACATCCTGAACCAACTGACCTATTCTGCTATGAGCAATTATGT
GACAGCTCAGACGAGGATGAAATAGGCTTGACGGGCCAGATGGACAAGCACAACCGGCC
ACAGCTAATTTACTACATTGTAACCTTGTTGTTACACTTGTGGCACCAACCGGTTTCGTTTGTGT
ATCAACAGATACAACAACCGACGTACGAACCTACAGCAGCTGCTTATGGGCACATGTACC
ATTGTGTGCCCTAGCTGTGCACAGCAATAAACACCATCTGCAATGGATGACCTGAAGGT
ACAAACGGGGTAGGGGCGGGCTGTACTGGCTGGTTTGAGGTAGAAGCGGTAATAGAACGA
AGAACAGGAGATAATATTTTACAGATGATGAGGACGAAACAGCAGACGATAGTGGTACAGAT
TTAATAGAGTTTATAGATGATTCAGTACAAAGTACTACACAGGCAGAAAGCAGAGGCAGCC
CGAGCGTTGTTTAAATGTACAGGAAGGGGTGGACGATATAAATGCTGTGTGTGCACTAAAA

CGAAAGTTTGCAGCATGCTCAGAAAGTGCTGTAGAGGACTGTGTGGACCGGGCTGCAAAT
GTGTGTGTATCGTGGAATATAAAAAATAAGAATGCACACACAGAAAACGAAAAATTATT
GAGCTAGAAGACAGCGGATATGGCAATACTGAAGTGGAACCTGAGCAGATGGCACACCAG
GTAGAAAGCCAAAATGGCGACGCAGACTTAAATGACTCGGAGTCTAGTGGGGTGGGGGCT
AGTTCAGATGTAAGCAGTGAAACGGATGTAGACAGTTGTAATACTGTTCCATTACAAAAT
ATTAGTAATATTCTACATAACAGTAATACTAAAGCAACGCTATTATATAAATTCAAAGAA
GCTTATGGAGTAAGTTTTATGGAATTAGTTAGACCATTTAAAAGTGATAAAACAAGCTGT
ACAGATTGGTGTATAACAGGGTATGGAATAAGTCCCTCCGTAGCAGAAAAGTTTAAAAGTA
CTAATTAAACAGCACAGTATATATACACACCTACAATGTTTAAACGTGTGACAGAGGAATT
ATATTATTATTGTTAATTAGATTTAAATGTAGCAAAAATAGATTAACTGTGGCAAAATTA
ATGAGTAATTTACTATCAATTCCTGAAACATGTATGATTATCGAGCCACCAAAATTACGA
AGTCAAGCATGTGCCTTATATTGGTTTAGAACAGCAATGTCAAATATAAGTGATGTGCAA
GGGACAACACCAGAATGGATAGATAGATTAAACAGTGTTACAGCATAGCTTTAATGATGAT
ATATTTGATTTAAGTGAAATGATACAATGGGCATATGATAATGACATTACAGATGATAGT
GACATTGCATATAAATATGCACAGTTAGCAGATGTTAATAGTAATGCAGCAGCATTTTTTA
AGAAGCAATGCACAAGCAAAAATAGTAAAGACTGTGGCGTTATGTGCAGACATTATAAA
AGAGCAGAAAAGCGTGGTATGACAATGGGACAATGGATACAAAGTAGGTGTGAAAAACA
AATGATGGAGGTAATTGGAGACCAATAGTACAATTTTTAAGATATCAAAATATTGAATTT
ACAGCATTTTTAGTTGCATTTAAACAGGTTTTTACAAGGTGTACCAAAAAAAGTTGTATG
TTACTGTGTGCGCCAGCAATACAGGGAAATCATATTTTTGGAATGAGTTAATACATTTT
TTAAAAGGATGCATTTATTTTCATATGTAAATTTCCAAAAGTCATTTTTGGTTGCAGCCATTA
TCAGATGCTAAACTAGGTATGATAGATGATGTAACAGCCATAAGCTGGACATATATAGAT
GATTATATGAGAAATGCATTAGATGGTAACGACATTTCAATAGATGTAAAAACATAGGGCA
TTAGTACAATTAAAATGTCCACCATTAAATAATTACCTCAAATACAAATGCAGGCAAAGAT
TCACGATGGCCATATTTGCACAGTAGACTAACAGTATTTGAATTTAACAATCCATTTCCA
TTTGATGCAAAATGGTAATCCAGTGTATAAAAATAAATGATGAAAATTGGAAAATCCTTTTTTC
TCAAGGACGTGGTGCAAAATTAGGCTTAATAGAGGAAGAGGACAAGGAAAACGATGGAGGA
AATATCAGCACGTTTAAAGTGAGTGCAGGACAAAATCCTAGACATATACGAAGCTGATAA
AAATGATTTAACATCACAATTGAACATTGGAACTAATACGCATGGAGTGTGCTATAAT
GTATACAGCCAGACAAATGGGAATATCACATTTGTGCCACCAGGTGGTGCCGTCATTGGT
AGCATCAAAGACTAAAGCGTTTTCAAGTAATTGAACTGCAAATGGCATTAGAGACATTAAA
TGCATCACCATATAAAACAGATGAATGGACATTGCAACAAACAAGCTTAGAAGTGTGGTT
ATCAGAGCCACAAAATGCTTTAAAAAAAAGGCATAACAGTAACTGTACAATATGACAA
TGATAAAGCAAACACAATGGATTATACAAATTTGGAGTGAAATATATATTATTGAGGAAAC
AACATGTACTTTGGTAGCAGGAGAAGTTGACTATGTGGGGTTGTATTATATACATGGCAA
TGAAAAGACGTATTTTTAAATATTTTTAAAGAGGATGCAAAAAGTACTCTAAAACACAATT
ATGGGAGGTACATGTGGGTAGTCGGGTAAATGTATGTCCTACATCTATACCTAGTGATCA
AATATCCACTACTGAACTGCTGACCCAAAAGACCACCGAGGCCACCAACAACGAAAGTAC
ACAGGGGACAAAGCGACGACGACTCGATTTACCAGACTCCAGAGACAACACCCAGTACTC
CACAAAGTATACAGACTGCGCCGTGGACAGTAGACCACGAGGAGGAGGACTACACAGTAC
AACTAACTGTACATACAAAGGGCGGAACGTGTGTAGTTCTAAAGTTTCACCTATCGTGCA
TTTAAAAGGTGACCCAAATAGTTTAAATGTTTAAAGATATAGATTAAAACCATTTAAAGA
CTTATACTGTAATATGTCATCCACATGGCATTTGGACCAGTGATGACAAAGGTGACAAAGT
AGGAATTGTTACTGTAACATACACAACGGAAACACAACGACAACCTGTTTTTAAACACTGT
TAAAATACCACCCACTGTGCAAATAAGTACTGGTGTATGTCATTGTAATTGTATTGTAC
AATTACTGTATGTAAACCACAAGCCAATATGTGCTGCTAAGTGTATATACAATGATATTA
CCTATTTTTGTTGTTTGTATTTTACTGTTTTTATGCTTGTGCATTTTTTTGCGGCCATTG
GTGCTATCTATTTCTATATATGCTTGGTTGCTGGTGTGGTGTGCTGCTTTGGGTGTCT
GTGGGGTCCGGCTCTACGAATTTTTTCTGTTACTTAATATTTTTTATATATACCAATGATG
TGTATTAATTTTCTATGCACAATACTTAACCAACAAGACTAAGTGTATATACTGGTTCTGCA
CATGGTGGTATTGGTATTGTAAATATTTACTGTTGTGTGTGTTGTTTTTATTATTTTTATA
CATTTACTAATAAATACTTTTTATATTTTTTAGCACTGTCTTATTATGAGACACAAACGGTC
TACAAGGCGCAAGCGTGCATCTGCTACACAACTTTACCAAACATGCAAGGCCTCAGGCAC
CTGCCACCTGATGTTATACCCAAAGTTGAAGGCCTACTATAGCAGATCAAATATTACG
ATATGGTAGCTTAGGGGTGTTTTTTGGAGGTTTAGGCATTGGTACAGGGTCGGGTACAGG

TGGCAGGACTGGATATGTGCCCCCTTGGTAGTACCCACCGTCTGAGGCTATACCTTTACA
GCCCATACGTCCCCCAGTTACCGTTGATACTGTGGGGCCTTTGGATTCTTCTATTGTATC
TTTAATAGAGGAATCTAGTTTTATAGACGCCGGTGCACCAGCCCCATCAATCCCCTCC
ATCTGGTTTTGATATTACCACCTCTGCAGATACTACACCTGCAATACTTAATGTTTCCTC
TATTGGAGAATCATCTATACAACTGTTTCTACACATTTAAATCCCTCCTTTACTGAGCC
ATCCGTACTCCGCCCTCCTGCACCTGCAGAGGCCCTCTGGACATTTAATATTTTCCTCTCC
TACTGTTAGCACACATAGTTATGAAAACATACCAATGGATACCTTTGTTATTTCTACTGA
CAGTGGCAATGTCACGTCTAGCACACCCATTCAGGGTCTCGCCCTGTGGCACGCCTTGG
TTTATACAGTCGCAACACCCAACAAGTTAAGGTTGTTGACCCTGCTTTTTTAACATCTCC
TCATAGACTTGTAAACATATGATAATCCAGCATTTGAAGGCTTTAACCTGAGGACACATT
GCAGTTTCAACATAGTGACATATCGCCTGCTCCTGATCCTGATTTTCTAGATATTGTTGC
ATTACACAGACCTGCATTAACCTCTCGCAGGGGTACTGTACGTTATAGTAGGGTTGGGCA
AAAGGCTACACTTCGTACTCGCAGTGGAAAGCAAATAGGGGCTAAAGTACATTACTACCA
AGACTTAAAGTCCCATACAGCCTGTCCAGGAACAGGTACAACAGCAGCAACAATTTGAATT
ACAATCTTTAAATACTTCTGTTTCTCCCTATAGTATTAATGATGGACTTTATGATATTTA
TGCTGACGATGCTGATACTATACATGATTTTCAGAGTCCTCTGCACTCACATACGTCCTT
TGCCACCACACGTACCAGTAATGTGTCCATACCATTAAATACTGGATTGACACTCCTCT
TGTGTCAATTGGAACCTGGTCCAGACATTCATCTTCTGTAACATCTATGTCTAGTCCATT
TATTCCATATCTCCACTTAACTCCTTTTAAACCATAATTGTGGATGGTGTGATTTTAT
GTTGCAACCTAGCTATTTTTATTTTGCCTCGCAGACGTAAACGTTTTCCATATTTTTTGC
AGATGTCCGTGTGGCGGCCTAGTGAGGCCACTGTGTACCTGCCTCCTGTGCCTGTGTCTA
AGGTTGTAAGCACTGATGAATATGTGTACGCACAAGCATTTATTATTATGCTGGCAGTT
CCAGACTTTTGGCTGTTGGCAATCCATATTTTTTCCATCAAAAGTCCCAATAACAATAAAA
AAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAGGCTTACAGTATAGGGTCTTTAGGGTGCGTTTACCTG
ATCCCAATAAATTTGGTTTTCTTGATACATCTTTTTATAACCCTGATACACAACGTTTGG
TCTGGGCATGTGTAGGCCCTTGAATAGGTAGGGGACAGCCATTGGGTGTTGGCGTAAGTG
GTCATCCTTATTTAAATAAATTTGATGACACTGAAACCAGTAACAGATATCCCGCACAGC
CAGGGTCTGATAACAGGAATGCTTATCTATGGATTATAAACAAACACAATTATGTTTAA
TTGGCTGTAAACCTCCCACTGGTGAGCATTTGGGGTAAAGGTGTTGCCTGTAAACAATAATG
CAGCTGCTACTGATTGTCCTCCATTGGAACTTTTTAATTCTATTATTGAGGATGGTGACA
TGGTAGATACAGGGTTTGGATGCATGGACTTTGGTACATTGCAGGCTAATAAAAGTGATG
TGCCTATTGATATTTGTAACAGTACATGCAAATATCCAGATTATTTAAAAATGGCCAGTG
AACCTTATGGGGATAGTTTGTTCCTTTTTTCTTAGACGTGAGCAGATGTTTGTAGACACT
TTTTTAATAGGGCTGGAAAACCTTGGCGAGGCTGTCCCGGATGACCTTTATATTAAAGGGT
CCGGTAATACTGCAGTTATCCAAAGTAGTGCATTTTTTCCAACCTCCTAGTGGCTCTATAG
TTACCTCAGAATCACAATTATTTAATAAGCCTTATTGGCTACAGCGTGCACAAGGTCATA
ACAATGGCATTTGCTGGGGCAATCAGTTATTTGTTACCGTGGTTGATACCACTCGTAGCA
CTAATATGACATTATGCACTGAAGTAACTAAGGAAGGTACATATAAAAAATGATAATTTTA
AGGAATATGTACGTCATGTTGAAGAATATGACTTACAGTTTGTTTTTCAGCTTTGCAAAA
TTACACTAACTGCAGAGATAATGACATATATACATACTATGGATTCCAATATTTTGGAGG
ACTGGCAATTTGGTTTAAACACCTCCTCCGTCTGCCAGTTTACAGGACACATATAGATTTG
TTACCTCCCAGGCTATTACTTGCCAAAAAACAGCACCCCTAAAGAAAAGGAAGATCCAT
TAAATAAATATACTTTTTGGGAGGTAACTTAAAGGAAAAGTTTTCTGCAGATCTAGATC
AGTTTTCTTTGGGACGAAAGTTTTTATTACAATCAGGCCTTAAAGCAAAGCCCAGACTAA
AACGTTTCGGCCCCTACTACCCGTGCACCATCCACCAAACGCAAAAAGGTAAAAAATAAT
TGTTGTGGTACTTACACTATTTTATTATACATGTTTGTGTTTGTGTTTATGTATGTGTTGTCT
GTTTGTGTTATGTTTGTGTATATGTTGTATGTGTTATGTGTCATGTTTGTGTACATGTTCT
ATGTCCTTGTGAGTTTCCTGTTTCTGTATATATGTAATAAACTATTGTGTGTATTGTAA
CTATTTGTATTGTTTGGGTGTATCTATGAGTAAGGTGCTGTCCCTAAATTGCCCTACCCT
GCCCTGCCCTATTATGCATACCTATGTAATAGTATTTGTATGATATGTAATTTATAGTTTT
TAACAGTACTGCCTCCATTTTACTTTACCTCCATTTTGTGCATGTAACCGATTTTCGGTTG
CTGGCACAAACGTGTTTTTTTTTAAACTACAATTTAAACAATACAGTTAATCCTTTCCCTT
CCTGCACTGCTTTTGCCTATACTTGCATATGTGACTCATATATACATGCAGTGCAGTTGC
AAAATGTTTAAATTATACTCATAGTTTAAACATGCTTATAGGCACATATTTTAACTTACTT
TCAATGCTTAAAGTGCAGTTTTTGGCTTGCACAATAGTTTGTATGCCAAACTATGTCTTGT

AAAAGTGACTCACTAACATTTATTGCCAGGTGTGGACTAACCGTTTTGGGTCACATTGTT
CATGTTTCAACATTTTATATAATA

>gi|109390389|ref|NC_008189.1|_HumanPapillomavirus_type_101,_complete_genome

ATGAGAGGACAAAAGGCAACTATTGGAGATGTAAAGTTAGAACTTAGCCCTTTAGTGCTA
CCTGCAAACCTATTATTATGTGATGAATTAGTAACCGAGGAGGAGCAGCAGGACGAGCAA
GCTTTAAGCCCTTATAGAATTGTGACAGATTGTGGGCAGTGTACAAAACCTTAGCATT
CATGTACTAGCTACGGACGGGGCAATAAGGCTCTGTGGAACAACCTGCTGTGTGGAGACCTG
GAATTGGTGTGTGCAAGCTGCATAAGAGCCAGCGCCATGGAGGACAAAAGACAATAAAGG
TACATCCCCCTCACATTTGTGACTATAATGCAATAGACTTTATTGACGCAGAAGCGGCATG
TGAGGAGTTAGACCCCTTTGGAAGCCGTATTGGAAGAAAGTGATGGGACAGATATTTTCAGA
CCTAATAGACAATACGGAGGAGCCAGATGAGGGAAATTCCCTAGCATTGTTAAATAAGCA
GCAGCTAGAGGACGACACGCAGCAGCTTAAGATTCTAAAACGAAAGTACTTTAGTCCTAG
CCCAAAGCAACAAGCAGTAATAGATTTGAGCCCAAGACTGCAACAGTTGCGTGTATCGTC
CCAAGGATCCAGTAAAAGACGGCTGGTATTTGAGGACAGTGGACTAGGCAATGAAACTGA
AGATTCTGTACGGAGGTGGCAAAGGTAGCGTCGGAGCAGCCATTAAGCTGCAACCCCGG
GGAGCCCGAAACCAATGAAGACGTCAGCACAGATGTAGAGACTAGATCTGGGGGGCCATG
TGGCGGCACAACAACCAGTAACAATAATAGTAACAACAATTGTATAGACCTATTGCATAG
TAGTAATAGAGAAGCCACTGCATATGCAAAATTTAAAGCCACATTTGATGTGGGATATAA
GGAATTAACAAGACCATTATAAGTAATAAAAGCTGTTGCTGCAGTTGGATAGCGGGGAT
ATTTGGGGTGGTAGCAAGAAATACTGGAGGCAGCAAAAACATTACTGCAACCACATTGTGA
ATACCTGCAAAATTATAAATCCAAGCATGGGGACGGGCGTTACAGTAATGATGTTGTTTCA
GTTTTATGCTGCAAAATGTCGGGATACTGTAATAAATTTATTGTGTAATGTATTGCATGT
ACGGGAATGGCAAATTATAACTAATCCACCAAAGCATAGGAGTGTTGCTGTAGCATTATA
CTTTTATAAAAACAAGTATGTCTAATGTTAGCTATTGTTATGGAGCAATGCCAGAGTGGAT
TAAAAAACAACATTGGTTAATCATCAACAGGAGTCAGACAACCTTTGAATTTGCAACTAT
GGTGCAATGGGCATATGATAATAATATTAGAGATGAGGCAGAAGTTGCTTATGGATATGC
AAGCCTTGACAGACGACGATACAAATGCAGCTGCATGGCTAAAATGTAATAATCAATTCAA
ATATGTAAAAGACTGTGTACAAATGGTTGCAATGTATAAAAGGTATGAAATGAGAAATAT
GACAATAGGACAGTGGCTAGTGAAATGTGGAGAACGTGTAACAGAAGAAGGCAATTGGAA
AAATATTATTAAATTTTTTAAATATCAGGAAATATCTATAGTGGCATTTTTAACAACATT
AAGATACTTCCTACAAGGAAGGCCAAAAAAGCTGTTTAGCAATATGGGGACCGCCTGA
TACGGGCAAATCAATGTTTTGCTATAGCTTAATAAAATATACCCAAGGTAAGGTGGTATC
GTTTGTAATAGCAGAAGCCAATTTTGGTTGCAACCACTAGTAGATGGGAAAATAGGGCT
AATAGATGATGCAACATTTGCTTGCTATCAATATATGGATGTATATATGAGGAATGGACT
GGATGGAAATGCAGTGTGAGTAGATGTAAAGCATAAGGCACCAATACAATTAAACTACC
GCCATTACTTCTAACCTCTAACATTGAAGTACATGCAGAAGCCCCATTAAAATATTTACA
TAGCAGAATTCAAGAATACAAATTTCCAAATAAATTGCGTTTAGATGCAAAATGGAAATCC
AATAATAACAATTACTGATGCAGATTGGAAATCTTTTTTTAGTAAACTGTGGAAGCAATT
AGACCTGGGCGATCCAGACGACAGCTCAGATGGAGACCCTGGTCGACCGTTTCGATGCTG
TGCAAGACAGGCTACTGGGGATTTATGAAGCAGGCCGCACAGACATAGATGGACAAATAG
TACATTGGGACCTTGTAAGGCAGGAATATGTATTACTGCACTATGCCAGAAAAACGGTA
TTAGCAATTTGGGCATACAAAAGTACCGTCATTGGCCACATCTGAAAGCAAGGCCAAAC
AGGCTATATTAATGGGCATAGTGCTAAAAAGTCTAAAGAACTCTGCATTTGGAATGAAC
AATGGACATTGACAGATACAAGCTATGAACTGTTTATGACACCTCCATCGCATACATTTA
AAAAACAAGGAAAAACCATAGAGGTGTGGTATGGAAATAATGAGGACAATGCAGTGGCAT
ACACGTTATGGACCGCTATTTATTACCAAGACGCACAGGACAATTGGTACAAGGCCCGTG
GACAGGTATCTGCAGACGGCCTGTACTATATAGACTGGGAAGGAAATAAACATTTCTATG
TGCGGTTTGCAGATGAGGCACAACAATTTGATGCAGCAATGAATGGCAAGTACGAACTG
AAAGTGAAATAATATCTAATCTGTTACCAGCACCCCCACGGAGCGACCCGAGGCCTA
CTGGATCTTCTGCCATTACCTATGAAACTTCCAGACACGACACGAGGAGGACTAGGAGAT
CTACTAAAAAGACCCCGACCGTCCCCCAGCTTCATCCGCGACATCGGCGACCGAAAGCGATA
CCCCTGGGCACCATACCAGAAGCCGACGAATCCAACAAAGAAAAACATAAATCCCAACGAC
CCAGGTGGGGATCCGAGTCTCCTATCCAGTCTCCTTCATCAGTGGGGCAAGGACATCGAC
TGCCTAATAGACACTATCGTTTCGCGACTTGCAAGATTACAAGACGAGGCTAGGGATCCGC
CAGTAATACTTATTAAAGGCCTGCAAAATACTACCAAATGTTGGAGGTATAGAATGAAAC

AAAATTATAGGGCGCTATTTGAAAGTATAAGCACTGCATTTTCATGGGTAGGTGATAGGG
GCTCAGATAGGGTAGGGTGTAGTAGGGTATTAGTAGCATTTAGAAAATAATAGCCAACGGG
AAAGGTTTTTACATACTGTGAAGTTACCAAAGGGTACACAGTTTTTCATTTGGAAACCTGG
AATCCCTGTAACCACACATGCCAGTAATGCTGCCTATTTGTAAATAGCATCACATCTGCC
TCTTGTGATTTTGTGTACCTTGTATATTATACCTCTTTTGTACTGCTTTGCTACACTTGT
ATAATCAATGGAGCCTCCACATGCACGTAGGCGAAAGCGTGACACAGTTGAAAATATATA
CAGGCATTGTGCCCTGTCTGGTACATGCCCTGATGATGTTAAAAATAAAGTGGAATAA
TACCATTGCAGATAGGATATTAAAAATGGATTGCAAGTATTGTGTACTTTGGGGGCTGGG
TATAGGTACTGGCAGGGGCTCCGGGGGATCTATGGGATATACCCCTGTAGGGGCTGGGGG
GGGTAGGGTTACGTCCCAGGGTACTGTACTACGTCTGGGGTTGTTTTGGATCCTGTAGG
ACCATCTGATATTGTACCCATTGATCCTATATCACCTACTGCATCCTCTATTGTTCTTT
GGAGACTGTACCTGAAACACAAATACCTGATGTTCTGTGCGACCCCTGTGGAGGTGA
ATTGGAGGTTACCGTTGGTACTGACCCTGTATCAGATATTACTATAGAGGCCACCTCGCC
TGCTATTACCCCATAGACCCACAAAGTGCCGTTATTGAGGCACAACCTCCTACATCTAC
TCCTAAGCGTGTTTCAGTAACAAGCACACGGCATGTTAATCCTTCTTACATATCGGTATA
TGGCCATCCCACAGACCCTGTAACACAGGCTGGTGCTGAGGTGTTTGTAGGGGCAGCTGT
TGGTGAGGGACGGGTTATTAGTATAGGTGAATCTATACCTTTAGACACATTTGTTGAAAC
AGGAGGGTCTTCTACATTTTCTATTGAGGAGGCTGTTACGCCCCACGGACCAGTACCCC
TCGTGATTTTCAAAGGCCCTTCAACGTGCACGGGACCTTTATAACAGACGTGTACAACA
AGTACAAACACACAATATGGCTTTTCTTGGCGCCCCAGGCAGGCGGTAACATTTGAATT
TGAAAATCCCGCTTTTCAGGATGAGGTACGCAGCAGTTTGAACAGGATTACAGTCTGT
TGCTGCAGCGCTGACCCTGATTTTGCTGACATTGTAACATTGGGACGGCTCGCTTTTC
TGAAACAGCAGAGGGGCGCGTGCCTTAGTCGCCCTAGGTGCGCGGGGCACTATTGTAAC
ACGCAGTGGATTACAAATAGGATCCAATGTGCATTTTTTATTATGATTTTCAGCTCTATAGA
TGCTGGCTCAGTTGAATTGCAACCACTTGGTCAGCAATCTGGGGTGGCCTCTATTGTTGA
TGGCTTAGCATCTGCTAACATTAATGGCAGTGCTGAAACATCTTTTATAGAAGGTCATAC
ACTTGTGTTGGCCCTACGGGTGAGGCTGACTTGTATGACACGTACTCAGAAAGTTTGAAG
TTCTCGATTGTTACTTACACCTCAGGCAGTTCCCTGCTGTTTCAGGTCCCTCCTTTGGTTCG
TGTCCTGACACTTCCTCCAGGCACAGCCCTACAAATCTTACTCTCAGATGTAGGGGGTCT
TGTACCTTTTTCTGTGCCTTCTGTACATCCTGTTATTCTTGGCACTGTGTTCCAGATGT
GTCTGAACCTCCTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTGTCATCC
AAGTCACAGACGCAAACGCAAGCGCAAACGGTCTGGTTTTTAATGTTTTGCAGATGGCTG
GTTTGTGGCTACCTCAGACTGGTAAAATATACCTACCTCCAGCTCCTCCTGTGTCTAGGA
GTCTTACCACCGATGAATATGTTGTGGAACATCTGTATTCTTCCATGCATCCAGTGATC
GTCTAGTAACTGTGGGTACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTG
AGGTTCCCTAAGTTTTCTGGCAACCAGTTTAGGGCTTTTCGCCTACGTCTCCAGATCCCA
ATAAGTTTGCTTTAATTGACAAACAATTGTATAATGTTGAATCGGAGCGCTCGTGTGGC
GTCTTAGAGGAATTGATATTGGCAGAGGAGGGCCTTTAGGTATTGGTTCTACTGGGCATC
CTTTATTTAATAAGTTAAAGGATACTGAAAATCCTAATGGATATCAAAAAGGTGGTGCTA
AGGACGCTAGACAAAATGTTTCTATGGATCCTAAACAAACACAGTTGTTTGTGTTGGTT
GCACCCCTTGTAAGGTGAACACTGGGATGTTGCTCCTGCATGTGACAAAAATCCTCCTA
AAGGCACCTGTCCCTCTTTACAGTTGGTGTCTCTGTTATTTCAGGATGGGGATATGTGTG
ATATTGGCTTTGGTGCCATGAATTTTGCTGCCCTGCAGGCTGATCACTCAGGGGTACCCC
TAGATATTGTTGCAGATACTTGTAAATGGCCAGACTTTCTTGGTATGGCCAATGATAGGT
TTGGGGATGGTATGTTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGTATGCACGTCATTATTTCA
CCCATAATGGCACTGTTGGTGACAGTGTTCCAGAGGAGGGGTTTGAGGGTAATGGTAAAA
AGTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAGCTGGCTCCCTCTTTATATT
TTGCTACACCTAGTGGGTCCTTAGCATCTAGTGACTCCAGTTATTTAGTAGGCCCTACT
GGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTA
CTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATA
TTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAA
TTTCTCTCATTTGTGCAGCTCTGTAAAGTGCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATAC
ACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTA
CCTCTATTGAAACCACTTACAGATATATTGATTCTCTTGCTACAATGTGTCCACAGCAG
AGCCTCCTAAGGAAAAGGAAGATCCATATGACAAAATGTCTTTTTGGGTGGTTGATTTAT

CAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCTATCCTCTTGGTAGGCGCTTTTACATCAAA
CAGGGTCTGCCCGGCTGCGCGCCCCCTAAAGCGACCCCGTCCTTCTACGCCTACCAGGC
CTACCTCCAGGTCCTTCCAAACGCCGACGACGAGCAAGTTTAAACATTATATGTATTTTACA
ACATTCTACCTCTGTACATTTTACATTTCTATACTCTTATAATAAATAAAGTATGTAGC
ATGTCAACATTGTCGTTGTATGAGTTATTTCTTCTGACTCAGGGCAGTATTTTGGCCACA
CCTGGGCTTTTAGTATTTGGCTTCCGGCCGGCGGACGTGTAGGGGCTCTGCTACATATTT
TTCGTTTTTTATTGCTTTTGGAGGCACCGGTATCGGTTGCTGGTACATTTGCTGCCAATT
TTGCCAGCAGGTATGTTTCATGTTTTTAAACAAATGTATTACTCATGTGTTTTGCAACGTTTT
AGGTACTGGCTACATTCACAAACCGGGAGCGGTGCTTTTACAGTGCCTTTTTCTCTTATT
GTTGTTGGCAACAATCATCTATTCCGTTTGTAAACATGAACCGGGAGTGGTGTGGGCAGTG
TCTATATATACAGCAGGGGGCTATACAACGGTCCTTTTGCACCGCCTGTGTGCATGTA
CTGGGAGGTAGACTGGGGACTGTGTAATGTTATGAATATTGTACCTATATTACTGCTTAT
GTGGCAATTGTATATTTGTGTTGTGTTTTTAATTACTGTGCTTAGCCTTATTAAGATATT
TTTATTGTTGGGAATACGGGTATAGGGACACGGCCAGTTGTAATATAATAGTACAAACT
>gi|109390382|ref|NC_008188.1|_Human_papillomavirus_type_103,_complete_genome
ATGAGGGGAAAGAAACCAACAATTAAAGATATTAACCTAGAACTACATAGTTTAGTATTA
CCACAAAATTTACTCTGTGGTGAAGAACTTGTGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAGGAAGAG
CAGGATAAGTGTCTTACCGGGTGGTGACAGATTGCAAGTATTGTGAGAAGTCATTGTGT
ATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGCCATTAGAACTTTGAACAACAGCTGTGTGGAAAC
CTGGATATTGTGTGCTCAGCCTGTGCAAGCAACGCCAGCGAAATGGAGGACAAAGACAC
TAAAGGTACATCTTGCTTTACTGACATTACAGCAAATGCTTGTGAGTTTATAGAAACAGA
AGCGACCTGTGAGGATGGTTTAGATTCATTGGAAGCATTATTTGAAGAGAGCGATGGGAC
AGATATTTTCAGAACTAATAGAAAATATTGATGAACCTGATAGGGGGAATCCCCAAGCACT
GTTAAATAGGCAACAGCTAGAAGAAGACAGTCAGCTACTAACAGTGCTAAAACGAAAGTA
TGTTAGTCCTAGCCGAAGCAGCGGGTAATAGATTTAAGCCACGACTTGAAGCGCTGTG
TGTGTCGCCACGAGGATCCAGCAGTAAAAAGACGACTATTTGAGGACAGTGGCTTAGGACA
TGAGCCTGAAGATTCTAATGCTGAGGTGAAAAGGTAGCGTCGGAGGCATTGACTAATTC
AGGGACATTGACTAATGGGGATGAAAATGCTGTATGTGCAACGCAGGATGGCGACACACG
GTGCTTGATATTTTACACAGCAGTAATAGACAAGCTACTGCTTTAACTAAATTTAAAAA
TGTTTTTTGGAGTGGGATATAAGGAAATAACCAGGCCATTTCAAAGTAATAAGTCATGTTG
TCATAGCTGGGTAGCAGCAATATTTGGTGTGTAGCAGAAATGTTGGAAGCGGCTAAGAC
GCTATTTAAAGTGCATTGTGATTATTTACAAATTATTAATCCTAGTATGGGTACAGGAGT
TACTGTATTATGCTTGTGTTTTGAGTTTTCAAGTTCTAAATGTAGAGATACTGTACAAAACT
GATTAGCAATGTGCTAAACGTGCAGGAACATCAAATAATAACAGATCCTCCGCGACATAG
AAGTGTACCAGTAGCATTGTTTTTTTTATAAACAAAGCATGTCTAATAACAAGTTTTGTACA
TGGAACAATGCCTGACTGGCTTAAAGACAAAATATGCTAAACCACCAGCAGGAGGCAGA
CTCATTTGAACTGTCTCATATGGTGCAATGGGCATATGACAATAATATTTGGGATGAAGC
AGAATTAGCCTATCAATATGCATGTTTAGCAGATGTGGAACCAAATGCAGCAGCATGGCT
AAAAAGCAACCAGCAATATAAGTATGTGTCAGATTGTGCAAAAATGGTTAGAATGTACAA
AAAGTATGAAATGCAACAAATGAGTATGGCACAGTGGATAAAAAAATGTGGAGAGCATAT
AGAAACAGACGGAGACTGGAAAAAAATTATAAACCTATTAATAATATCAGGAAATATCAGT
AATAGCATTTTAAACAAGTTTTTAGAATGTTTTTAAAGGGACAACCAAAGAAAAACTGTAT
AGCACTATGGGGACCTCCAGATACTGGCAAATCTATGTTTTGCTACAGCCTAATTAGATA
TGTAAGAGGTAAAGTAGTATCATATGCTAATAGTAAAAGTCAGTTTTGGTTACAACCACT
AACAGATGCTAAATTGGGGCTTATAGACGATGCTACATTTCCATGTTTCCAATTTATGGA
TGTGTATATGAGAAGTGCTTTAGATGGAAACGAGGTGTCTGTGGATTGTAAGCATAGGGT
ACCAGTGCAAAATTAAATTACCTCCATTACTTGTACCTCCAACATAGATATGCATTCGA
GGCCTCTTTAAATACCTGCAGAGTAGAATTACAAGTTTTAAGTTTCCACATAAACTTCC
ATTAGATACAAATGGAAATCCAATATTTATTATAACTGACACAGATTGGAATGTTTTTTT
TAGCAAGCTGGAGCAGCAGTTAGACCTTTGTGACCCAGAAGACAGTACAAATGGAGACCC
TGGTGGAGCGTTTCGATGCTGTCCAAGAGAACTACTGGGGCTTTATGAGGCCGGACGCT
CAGACCTGGAATCCCAAATACAACACTGGGATCTTGTAAAGGCAGGAGCATGTACTGCTAA
ACTATGCCAGAAGGCAGGGCATACAAAACATTGGGCCTACAAAAAGTGCCCCCATTTGGCAG
CATCTGAAAAGCAAAGCCAAAACCTGCTATTATGATGCAGTTGGTGTGAAAAGCCTAAAGA
AATCCCAATATGGGCAGGAACCATGGACATTAACAGATACAAGCCATGAACTATTTACCA

CAGCACCAGAGAATACATTTAAAAAAGGAGGTGTAACGTGTGGAAGTGTATTTGACAACG
AGGAAGAAAAAGCTATGCCATATACACTATGGAGACTAATATATTATCAAGATGCAGATG
AGCTGTGGCATAAAACACATGGACAGGTAGACGCGGATGGCCTGTACTTTATAGACATGG
TAAAGCAAAAACACTATTATGTGCATTTTACCAAGGAAGCAGTAAAATATGGACAAAAAG
GGATGTGGCAAGTGAGGACTGGAAGTGTATTTATTTGGTCCTTCTTCTATCGCTAGCA
CTTCGACGGGGGCCGAGCAAGGTGACACCACCGCACAAAGTCACCCGAAGCGCCAGAAAAG
GCAAACGACGAAGACATTCCAGAAGGCAAACCCCTCGACCACCTCGACGACCACAGAGA
CCGACTCAGAGGATTCCGGCTTCCGAATATAGAAGAAGAAAGCGAAGACACAGAGAACGAA
AACGATCCAAGCACAGGTGGGACACAGGTTTCAAGATCTTCTACTGACACTGCTGCAGCAG
TGGGATCGCGACATCGAAGCCCTGATAGAACTATCCGTCAAGACTTGCAAGGCTACAAG
CGGAGGCTTGGGATCCCCAATATTATTAGTTAAAGGGCCTTCAAATACATTGAAATGTT
GGAGGTACAGGTGTAGAATAAAATATAGAGGCTTATTTTCAGTGTATTAGCACAGCTTTTA
CATGGGTGGCGGATGCGGGTCCACAATTAGGAAATGCTAGAATAATAGTAGGATTTACTA
ATACATCACAAAGGGAAAAGTTTATACAAACTGTGAAATTACCTAAAGGCACAAGTAGTG
CATTAGGAAACCTTGATTCAATTTTAAAGCCAATAATGCTGCCAATGGTCCCTGTATATTA
TCCTAACCTTACATAGGTATAAGTGTATGTACTATATATGTTGTAAATAGCTTACATGG
ATGTACAACCGAAAAAGCGACAAAAACGGGATACTGTGGAATAATATATAAACATTGTG
CAGGGTCAGGCACATGTCTTGAGGATGTTAAAAATAAAGTAGAGCAAACAACATTAGCAG
ACAAACTGTTAAAAATGGGATTTGCCAGTGTGGTTTACTTTGGGGGTCTGGGTATAGGCACAG
GTAAGGGTACTGTTGGGGCTCTGGCTATGTTCCCATTTGGGTCTGGGGTCTGCAGGTGGGG
GTCGGGTAAACATCACAGGGTACTGTAGTACGTCCGGGTGTTGTGGTAGATCCTATTGGGC
CTCCTGATATAGTTCCATAGATGCAGTTACACCACAGTCCTCCTCTGTGGTACCATTAG
AGGTAATACCTGAGATTGTTGGCGACCTTACGCCCCCTGATATATCTACTCCTAATATTA
TTACTGTAACAGATCCTGTATCTGACATAACACTAGACACCACCTCTCCTGCTGTTGCTA
CTATTGACCCACCAGTGCTATACTGGAGGTGCAGCCCACTGCATCAACACCTAAAAGGG
TCTCTGTAGGCAGTAGCAGACATGTTACGCCATCATACTCTCTGTATATGGGCATCCTA
CAGACCTGTTACACAATCTGCAGCTGAGGTGTTTATAGGGGGTCTGTAACAGAAGGAT
CTGTTGTCAATATTGGGGAATCTATACCATTAGAAACATTTGTGGAACACAGGGGTCTG
CCACATTTGATATTC AACCTACTGCAGAGCCACCACGTACTAGTACCCCTCGGGCATTTT
AAAGAGCATTCCAAAGGGCTCGTGAATTATATAATAGGCGGGTTCAACAAGTTAGAACTA
GGAACATAGATTTCTTAAACCGCCACGACAGGCGGTTACTTTTCAATTTGAAAATCCCG
CCTTTGAGGATGAAGTTAGTCTTGTATTTGAACAGGATTTAAATGCCTTAGCTACTGCTG
CACCAGATCCTGATTTTGTCTGATGTTGTGCGTTTAGGTAGGCCTACTTTATCTGAACTC
CTGAAGGCCACATTAGACTAAGCAGGTTGGGTCAACGTGGCACTATTCGTACAAGAAGTG
GCCTGCAAATAGGTCCACATGTACATTATTATTATGATTTAAGTAGTATCCACCCTGACT
CATTTGAATTGCAGCCTTTAGGTCAGCATTCGGGTGACACAGGTATTATTGATGCAGCAA
CAGCACAATCTATTGTTGCAGACACAGCTGAATCTAGTTTTATAGAAGGTCAAACATTAA
TAGGCCCCACAGCTAGACAATGAGCTGCTTGATTCTACAACCGAGGATTTTAGCTCCTCTC
GTCTCCGATTTGCAGGGGTTACCATGGCATCCAGTTTCCCTCTTTAGATATTGTTACTT
TACCACCTGGTGTGCTGATTACAATTTGTTGTCACTGCATCCGCTGGTAAACATAATACTA
CAACTATTATTCCACAATATATCCCCACTACACCTTTTATTCTTCTGTGGTAGTAGATT
CCTTTGTTACTTCTACTACATTTTATTTACATCCTGGACTGTCTCGCAAACGCAAACGTT
CGCATATGTTTTAATATTTTGCAGATGTCTTTGTGGCTGCCACAGTCCGGTAAACTTTAT
CTACCACCTTCTCAGCCAGTGGCTAAAATACTGCCTACTGATGAATACGTTGTGGAAACG
TCTATTTTCTTCCATGCCTCCAGCGACCGCTGCTTACTGTAGGACACCCATATTTTCCA
ATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAATTCAGG
GCCTTTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATAT
AATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTGTTGGAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGA
CCCCCTAGCGTTGGCTCTTCTGGACACCCCTTTATTTAATAAACTTAAGGATACTGAAAAT
CCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAG
CAAACCTAGCTATTTGTAGTAGGCTGTACTCCTTGTGTTGGGGGAGCATTGGGATGCTGCA
AAGCCATGTGCAGATGCTAGGCAGGATATGGGTGCATGTCCTCCTTTAGAGCTTGTAGT
TCCATTATTGAGGATGGGGATATGTGTGATATTGGCTTTGGTGCAATGAATTTTGCTACA
TTGCAGGAGGACCATTGAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTCTAAATGTAAATGGCCT
GATTTTCTTAGAATGGCAAATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTTCTTTGGAAGACGT

GAGCAGTTGTATGCTCGCCACTTTTTTGGCTAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGTATACCT
GAGGCTGAATTTGAGGGTGTAAAGCACACCTATATTTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGAC
CAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAGT
GATTCTCAGTTGTTTGGCAGACCATACTGGATACAAAAGGCTCAGGGCCCTAATAATAGT
GTGTGTTGGAGAAATAATTTATTTATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTT
ACAATAAATGTTAAGTCAGACGCTGGCGTTGCACAGCAATATGCTGCCACCAGCTATAAA
CATTATCTGCGACATGTAGAGGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTT
CCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGAC
TGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTA
ACATCTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGCAGAACCTCCCAAGGAAAAACAGGACCCATAT
GATAAATTATCTTTTTTGAAGGTGGATCTTACAGAACGTTTGTCTCTGATCTTGACAGA
TATCTTTGGGTCGCAGATTTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCT
AGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTAAAAAACGTAGA
CGGGGGGTTAATCTATGGCATTACCTGTGTTGCACATGCACCTTTATATTTTTGTTCTTG
TATCAACTGCAGTACTGTGTTAACTTGTCTGTACATTCTTAACTTATATTACATTTAA
GGGTATTAAATATATTTGTTCATGGTACCGGTCTCTGCGTGATTTGTTATTGAGTCATGTA
AGGTCAATAGCCACACCTGGCTTTTAGTCTTTGGCTTCCGTCCGGCTTGACGTGCAGGG
GCTATACACACTGTTTTTTGGATACTTCTTTAATAAAGCTTTCTTTTCAGTGAAACCGAT
AACCCTCGCCAACCTCCGTTGCCAAGCTTTTCAGGTATGTACTTTGCAAGTTTCAACAACAAG
ATTACTCAGCCTTCCAGCAACCAATTAGTTATCTGGCCGTTGGCCACGACCGGCAGCGA
TGTTTTGTAAATATCTTGATCCTATGATTTGTTGGCAACTACCACCTATTTCCGTTTGC
TTTACTAACCAGGAGAGGTGTATACTATATAAAGTAGAAGCTGTATTGGGCAGTTCTCTT
TTGCGTGGTTGTACCCCTGTGTGGTGGATGGTGGTGGGCTCTGGGAAATGAATATTGTTT
CATTCTTGTATTATTGTATGGCAATTGTATTTATGCTGTGCGTTTGTTTTAACTGTAATAT
GCATGTTAAAAATATTTTTATGTTTAGCTATTAGAGTGTAACTATATATATGCGGGATTT
GGCCAGTACTTGTGTATGTATAGTGTATAAAAGGTGTGTAAATACAGTAGCGGTGTGAT
AAA

>gi|50253426|ref|NC_005134.2|_HumanPapillomavirus_type_96,_complete_genome
TAAGGTATGTGAGTAATTTTTGAACCGCCCTGACTAATCTAAACATGCTAACCGCACCC
GGTATAAGCTATAAAATATCCTGAGGTGATGCAGTATCTGATCCTGGCAGTCACTCCTGG
AACACACCGATCCAGTGGCTTTGCCAAAAGCAGTTTAAACCTGCCAAGAAAAGCCCGCC
AAAACGTCTGCCAAGCTTTGGAACCGTTAACGGTAAGTTTCGCAACTCTCTCGGTTGCCAA
AAGTTTTATCTTGAGAGGTTGTTGGCAATTACAACCTGCCACTCATAACAAGTAACCGC
CTGCGTTTCTAGGACATTTTATATACAGACATACAGATCTCTGTTCAATTGTTGAGATGGA
TTTAAAGACAGTGCAGCAACTTAGAAGTCATTTGGGCATTCTACTGAAGACCTGTTGTT
AGCCTGTAACCTTCTGTAAGAAATTTTTAACCTTTGAGGAGCTATTAGGATTTGATAGCAA
GACTTTAAATCTTATTTGGAAGGAAGGTTATGCATATGCGTGTTGTTTCAATTGTGCTAG
AACAGTAGCCAAAGTAGAATTTGAACATTTTTTATGAAAAACAGTCAAGGGACGAGAAAT
AGAATCTCGCAGTGGCAGTTTACTTTGTTGTATTGTTGTTAGATGCCAGTTTGTGTTGCG
ACTGTTAGATTATTTAGAAAAGTTAAATATTTGTGGGTATCAAGAAAACCTTTATTTAGT
AAGAGGAGGTTGGAAAGGCATTTGCAGATATTGTAGAGAGATATGATTGGGAAAGAAGCA
ACTATACCAGACATAAAGCTGGAGCTGCAAGACCTTGTCTGCCCATTGACCTGCATTGT
GACGAAGAGTTGACAGAAGAGCAGTCAGAAAACCTGTCAGAATCTACAGTAGCAGAGGTG
GAGCCTCAGAGAACTCTGTACAAGATTGTAGTACCGTGTGGAGGCTGTGATTCCCGGCTG
AAAATCTACGTTTCTGCTACACAGTTTGAATTCGTTCTTTAGAAGACTTGCTGCTAGAA
GAACCTTCTTTGCTGTGTCTGCTTGCAGAAATGGCAGATAATAGAGGTATTGATCCTAA
AGAAGGGTGTAGTAATTGGTTTTCTCTTGAAGCAGACTGTAGTGATTTAGATGATGATTT
GGAAAGCTGTTTGAAGAAGGGACAAATTCAGATTTATCTGATTTAATTGATGATGGGGA
TGCTTGTGATAATGCCAATGAGCAGGGAATTTCCCGAGATCTCTTTCGCCAGCAGGGGAG
TGAGGAGTTTGAGCAGCAATAACAGGACTTAAAACGAAAGTATTTTCAGTCCGAAAGAGTT
GCAGCAGCTTAGCCCTCGTTTGAAGCAATACCTTTGTGCGCCGCAACACAAATGTAAAAA
GCGGCTATTTATGGAACAGGACAGCGGGCTTGAGTTATCATTAACCTCATGAGTGTGAAGA
TACTGCTCCGGAGGTGGAGGTACCCCCAAAATACTGACGGCACAGCACGGACAGAAGTTCA
GGCGAGCAATGAGCATTATAGACTATTGTTAAAATGCAGTAATCTCAGAGCTACAATGCT
CAGCAAAATTTAAAAACAGCTTTGGGGTGGGGTTTATGGAAGTGTGTAGGAAATTTAATAG

CAATAAGACTTGTGTGTCGGGACTGGGTGCGTAACTGCATATGGAGTTAAAGAGGAATTATT
AGAAGGATGTAAGCAACTGTTACAAGAACATTGTGGTTATATATGGCTTCATACACTATG
TCCAATGTCACCTCTTCTATTGTGTTTTAAACTGGTAAAAGCAGAGATACAGTTGTAAG
ATTGTTACAAAGGATGTTAAGTATTCATAAAGAGCAACTCTTAACTGAACCACCAAAGTT
ACGAAGTGTTATGGCTGTACTTTACTGGTATAAGGGCAGTATGAATCCAAATATCTATGC
ATTTGGGGAGTATCCAGACTGGATTGTTTCAGCAAACGATGATTAGTCACCATGAGGGCGA
TAATTTGCAATTTGAATTGTCTCCTATGGTACAATGGGCCTATGACAATGACTATATCGA
AGATTCTGACATTGCATATAACTATGCTAAATTAGCTGACGAAGACATAAATGCTCGCGC
GTTTTTAGCTCATAATAACCAAGCAAAAAATTGTTAGAGATTGTGCTTGGATGGTAAGACA
TTACAAACGAGGTGAAATGAGATATATGTCTATTTCTAAATGGATATGGTATAAATTTAA
AAAAGTAGAAAAATGGCGGCCACTGGTCAAAACATAGTAAAATTTGTTAGATTCCAAGGTAT
AAATTTTATAATGTTTTTAGATGCCTTCAAAACACTTCCTTTTGTCTAGAACAAAAA
CTGTATTTTATTTTATGGTCCTTCTGATTGTGGCAAACGATGTTTTGCATGTCACTAAT
TAAAGCTCTCGGTGGTAGGGTGATTTCATTTGCCAATGCAAAAAGTCAATTTTGGTTACA
ACCTTTAACGAAAGCAAGATTGCTATGTTAGATGATGCTACAGAAGCTTGTGGAATTA
TTTAGATACCTATTTAAGAAATGGTTTAGATGGGAATTGGGTAGTGTGATTGCAAACA
TAAAGCTCCCATACAGATTAGATTTCTCCATTATTGATTACCTCCAATTATGATATTTT
AAAAAATGAGAGGTATAGATTTTTGGTTAGCAGAATTTAAATATTTGAATTTAAGAATAA
ATTTCTTTTAAATGAAGATGGTACCCCTATGTTTGAACCTTACTGACCAAAGCTGGAAATC
TTTTTTTCAAGGCTTTTGGAAAGCAGTTAGATCTAAGTGACCAAGAAGACGAGGGGGAGGA
TGGAGCTCTGAACCAGCGTTTCAATGCTCTAGAAGACCAGCTCATGGACATATATGAAC
AAGGGAGTGATAAATTAGAAGATCAAATAAAACATTGGAACTTTTTAAGAAAAGAACAGA
TTTTATTGCATTATGCCAGGAGGCGAGGCATTATGCGTTTGGGGTACACTCCTGTTCCCTA
GTTTAGCAGCTTCAGAAACAAAAGCTAAAGATGTTATTTACATGGTTCTTCAACTAGAGA
AATTAAGAGACTCACCTTACAAAGATGAACCTTGGACATTGATTAACACCAGTTTAGAAA
CATATAGAGCTCCTCCTGTAACTGCTTTAAAAAAGGTCCTCAAAATGTAGAGGTTATTT
TTGATGCAGATCCTGAAAATATTATGTTATACACATCCTGGCAGTTCATTTACTTTGAAG
ACACTGATGGACATTGGCAAAAAACTGAAGGGCGTATTGATTATGCTGGTTTATATTATT
TGGAAGGGCAATTAAGACATTATTACGTGGAATTTAAAGTAGATGCTCGCAGATTTGGAA
CTAGTGGAGAATGGGAAGTGCCTTTTAAACGGGGAACTATCTTTGCTCCTGTTACCAGCT
CCTCGCCGTCCTCATACGAAGAGGTCAGAGAACGGGCTGAGCCCCCGACGTCCTCCGAGG
TCGGAACCGCCCTGACTCCGGCACCTACAGACTGGGAGACCTGGAACCGAAACCGCCA
AAGGGCGAAGGTACGGACGAAAAGAATCTAGTCCTACAGTTGCCTCCCTCAGGGTCAGGC
AAAAAGTATCACGATCTACTACACGAAAGCCGAAGAACGACGGTCCCGGAGTCCATCGT
CAGGGACAGAGCAAGCCGGTGCACGGGGACGGGGACAACGGGGAACCAGGGCCCGTTCCA
GAACCAGAAGCAGGAGCAGGCGCCGGAGCAGGAGCAGCAGCAGAGCCAGAAGCAGGAGGG
CAAGGGAACACTCAGAATCGAGGGGAGGGAGAGGTAGAGGGGCGTACGCCACAAGATCCA
GAAGTAGATCTGCAGAGTGCAGATCTATTGACCAGTGTGGCATTCCAGCTTCACAAGTGG
GAAGGTCAAGTTCAGTTGGTAGAAACAATTCCTCGAGACTTAAGAGATTACTGGATG
AAGCTCTCGACCCCCCAGTGATATTGTTAAGAGGGGAACCAAATACTTTAAATGTTATC
GCTACAGGGTGAAAGACAACTTAGAGGCTCTTTTGATAAAATTAGTACAACATGGTTCAT
GGGTGGCTTCACAAGGTAATACACGCATAGGTAGAGCTCGCATGCTGCTTAGCTTTGTTT
CAGAAGATCAGAGGGAAAAATTTATCAATGTTATGAAATTACCTAAGGGTGTTGATTGGT
CCTTTGGTAGCTTTGATAGTCTTTAACTACTAACATTTTATTTTTTATACTAATAACTA
ACCCACTTTATATATTGTATGGCGCGCGCACGTAGAGTAAAGCGTGATTCTGTTACAAAT
ATTTACAGGGGCTGTAAGGCAGCTGGCACATGCCCCCTGATGTTATTAATAAAGTTGAA
CAAAAACTATTGCTGACCAATTTTAAAGTATGGCAGCACCCTGCGTTTTTTGGTGGG
TTGGGTATTAGTACAGGCAAGGAACCTGGAGGCAGTACTGGTTATGTCCCTTTGCCTGAA
GGACCTGACCTGGTGTTTCGCTGGGTGGGTACACCAACTGTGGTGCGCCCCGGGGTCATT
CCAGAAGCAGATTGGTCTCTACTGATATAATACCTTTGGATACAGTCAACCCATTGACCCT
GTTGCACCTTCAGTTGTCCCTCTTACAGACACAGGACCTGATTTGTTGCCAGGAGAAATT
GAGACCATTGCTGAGGTACATCCTGTGTCAGATGTAACACCTGTTGACACACCAGTGGTG
ACAGGTGGTAGAGGCTCGAGTGCAGTATTAGAGGTTGCTGACCCAAGTCCTCCCACTCGT
GCACGTGTCAGTAGAACACAATATCATAACCCAGCTTTTCAAATAATATCTGAAACAACA
CCAACAACCTGGGGAAGCGTCGTTATCTGACCAAATCATTGTACAATCAGGTTCTGGAGGA

CAAAATATTGGTGGTAGTGGGCCTTCTGTGGAAATAGAATTAGAAGAGTTCCCCACAAGA
TATTCATTTGAAATAGAAGAGCCAACCCCTCCTAGAAAACTAGTACACCTGTAAGAATG
GCTCAGCAGGCCTCACGAGCTTTACGTAGAGCTTTATACAATCGTAGATTAACACAACAG
GTTTCTGTAGAAAATCCTCTATTTTTTACAACAGCCTTCTAAATTAGTTACTTTTCAATTT
GATAACCCCTGCATATGAGGAGGAAATAACACAAATATTTGAGAGGGATTTAAGCTCCATT
GAAGAACCTCCAGATAGACAATTTATGGATGTTGTTAAATTAGGTAGGCCTACATATGCT
GAAACACCAGAAGGTTACATTAGAGTCAGTAGACTTGGGAAACGAGCAACCATCAGAACA
CGCTCTGGAGCACAGGTTGGCACTCAAGTTCACCTTTTACAGAGATATAAGCACTATTGAC
ACAGAACCCCTCCATTGAATTGCAACTGTTAGGGGAACATTCTGGGGATGCTAGTATTGTT
CAAGGCCCAGTAGAAAGTACATTTGTTAATATGGATGTACAAGAAATTCCTACTTTGGAG
GAAGTGCCAGAATTACATTCTGAAGATGTGCTATTAGAGGAGGCATTAGAAGACTTTAGT
GGAGCACAATTAGTTTTTGGAAATTCTAGAAGATCAAATGTAATAACTATTCCTAGATTT
GAGACTCCAAGAGAGATTAATATTTATACACCAGATTTAGATGGATATTACATATCATAT
CCAGAAACAAGGAATATTCAGAAAGTTATATACACTGAGCCAGACACGACTCCAACAATA
ATAATTACATACAGAGGATTTTCAGTGGTGATTATTATTTACATCCAAGTTTGAGACGAAGA
AAAAGAAAACGAGCCTATTTGTAATTTTTTGCAGATGTCATCATTGTGGTTGTCAACAA
CGGGTAAGGTCTATTTACCACCATCAACACCAAGTTGCCAGGGTGCAAAGCACGGACTCCT
ACATACAAAGAACAACATCTATTATCATGCTAATACTGACCGCCTGTTAACAGTAGGAC
ATCCTTATTTTGTATGTAGGAGAAAATAATGGAGATCATGAAGTGTTAGTTCCCAAGGTGT
CAGGTAATCAGTACAGGGCCTTTAGGGTACACTTACCGGATCCTAACAGATTTGCTCTAG
CTGACATGTCTAGTGGTAAATCCTGATAGGGAGCGTTTGGTATGGGCTGTTAGAGGAATGG
AAATTGGTTCGTGGACAGCCATTAGGTGTAGGTACATCAGGACATCCATTATTTAACAAGG
TGAAAGACACGGAAAATCCAAATGGCTATAATACAGGTGGAAAGGATGATAGGGTGAATA
CATCCTTTGATCCCAAACAAATTCAAATGTTTGTGTTTTGGGTTGTATACCCTGCTTGGGGG
AACATTGGGACAAGGCCTTACCTTGTGTAGAAAATCCTCCTGATCAGGGAGCGTGTCCAC
CTCTAGAATTAAAAAATACTATTATTGAAGATGGGGACATGGGAGACATAGGGTTTGGAA
ATCTTAATTTTAAAACATTATCAGTCACTAAGTCTGATGTTAGTCTGGATATTGTTAATG
AAATTTGCAAGTATCCAGATTTCTTAAAAATGGCTAATGATGTGTATGGCAATGCTTGCT
TCTTTTATGCCAGAAGAGAACAATGTTATGCCAGACATATGTTTTGTAGAGGTGGGTCTAG
TAGGAGACAGTATTCAGATGATGCAGTTGGAGAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTG
CCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCATTTTACACTCCCACAGTCAGTGGAT
CTTTAGTTTCTACAGATGCACAGATTTTCAATAGGCCTTTTTTGGCTGCAAAGGGCTCAAG
GCCATAATAATGGTATTTGCTGGGGTAATCAAATCTTCTCACAGTAATAGATAATACCA
GGAATACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATA
CTGCAAACTTTAGAGAATATTTGAGACATGTAGAAGAGTATGAATTATCCTTTATATTAC
AATTATGTAAAGTTCCATTAGAGCCAGAAGTATTAGCACAAATTAATGCTATGAATGCAG
ACATTTTAGAAGATTGGCAATTAGGTTTTGTTCCTTCTCCTGACAATCCCATCAATGATA
CATATAGATACATACATTTCAGCAGCCACACGGTGTCCAGATAAAACTACACCTAAAGAAA
AAGCAGATCCCTTTGTCAGGTTATCACTTTTGGGATGTTGATTTGTCTGAAAAGTTATCAT
TAGATTTAGATCAGTATTCTCTGGGACGTAAATTCCTTATTTCAAGCCAACCTGCAAAACA
AAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTACAAAAC
GAAAACGACGCTGACCGCTATCGGTTCTGGGGACCTTCAATAAACATATTTGGAACGTT
>gi|37089393|gb|AY382778.1|_Human_papillomavirus_type_93,_complete_genome
CACCAAGTATTGCACCTGGATGATTGTTGTTGGCAACAACCTTTATTACTCAACAAGTAT
TTTCTTGCACCGATTTTCGTAGCACCTGTTTATAAGTATTGATATATGGTATATAAGGCAG
ACATCTTAATGGCGGCAGTAAGTAAACCTCAGACCATTACAGAGCTTGCTAGGTGTCTTG
GTATACCGTTAGAAGATGCTTTGGTGCCCTGTAATTTTTGTAAAAAGTTTTTAACATATT
TGGAAGTCGTTGAATTTGATGTAAAACAACCTTTGTCTAATTTGGAAAGAAGATTTAGTGT
TTGGCTGTTGCAGATGTTGTTGTATAGCATCAGCCACGTATGAATTTGATAATTACTTGA
ATGATAGTGTGTTGGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTA
TAGTGAGGTGTGCGCATTTGTATGAAAAAATTAGATCAAATTTGAAAAGCTTGATATCTGTG
GTAGATCTCTATTGTTTTACAAAGTGAGGAGGGGCTGGAAAGGACTCTGTAGGCAGTGTA
AGTAGATATAATGATTGGAAGAGAGGTCACCTCTGCAAGACATTGTGTTAGGGTTGACACC
ACCAGAGCCTGTTGCATTGAATTGTGAAGAGGAGTTACCAACCGAGCAGGATACGGAGGA
GGAGCCTGCAAGAACAGCTTTCAAGATTATTGTGTTCTGCGGCGGAGGCTGTGGATCCCCG

ACTTCGAATATTTGTTGCTGCCACAGAATTTGGAGTTCGTTGCTTTCAGCAATTGCTAGT
TAAGGAGTTGGATCTTCTGTGTCTTAAGTCCGAAACAGCGACCTGCAGCATGGCGGACA
ATAAAGGTAGTGGTCTGAAGGGTTAAGTGATTGGTGTATTATTAGAAGCGGAATGTAGTG
ATATTGAAAATGATTTGGAAACATTATATGAACAAAATGCAGATTCAGATGTTTCTGATT
TATTAAATGATGATGAGGACTTGGAGCAGGGAAATTCAGAGAAGTATTTCAACAACAAG
AGTTAGAAGACAGCGAGACTTTATTGCAATCATTAAGCGAAAGTATATTAGTCCCAGGG
CTGTTTTACAATTAAGTCCTCAACTTGAATCTATTTTCGCTGTTCATCACAGCATAAAAGTA
AAAGGAAAAGTGTGCTGAGCAGGACAGTGGAGTAGAGCTGAAGTTAAACAAATGAAGTTG
AAGATATTGTTACACAGGTGGAACAAAAGGAGGAGGTACCGACAGCATCCACAACTTGA
GGGAGGGGGAAAATGTACATTACAAGGAAGTATGAGATGTAGTAATTTGAAAGCTACAT
TACTTGCAAAATTCAAAAGTGCTTTTGGTGTAGTTTTCAGAGTTGACGCGGCAGTATA
AAAGTAATAAGACATGTTGTAACGATTGGGTGATTGCAATTTATGGTGTGAATAATGATT
TGTTTGAAGGTTCCAAAAAATTGCTGCAACAGCACTGTGATTATATTTGGCTCACTGAAA
TGTCTGCAATGTATTTATATTTATTATGTTTAAAGCTGGGAAGAATAGGCATACTGTGA
TAAGATTATTAATCTCTATGCTACATGTTGCAGAGGAACAAATACTGTCTGAACCACCAA
AGCTTAGAAGCACGTGTAGCAGCTTTGTTTTGGTATAAAGGCAGTTCCAAGTCCGGAACAT
TTACCCATGGTTCATATCCTAAATGGATAGTAGAACAACATTAATAGGACATCAGTCTG
GAGAAGCGGCAACATTTGATATGTCAACTATGGTACAATGGGCGTTTGATAATAATCTTA
CAGAAGAGGCTGCATAGCTTTTCAATATGCTAAAGTACGACCTGATGATGTTAATGCAA
CTGCCTGGTTGGCACATAATAATCAAGCTAGATTTGTTAGAGAAGTTGCTGCAATGGTCA
GGTTTTTATAAAAAAGGACAAATGAGAGAAATGAGTATGTCTGCATGGATACATTTTAGAT
TAGAGCAAGTAGAGGGAGAAGGACATTGGTCCCTCTATAGTAAAATTTATTAGATACCAAG
GTATTAATTTTATAAGTTTTCTCTCTGCTTTGAAGGACTTTTTGTCATGCTAAACCAAAAA
AAAATTGTTTGTCTTATATATGGACCGCCGAATACTGGCAAATCAGCATTCACAATGTCAT
TAATTAAGTATTAATGGAAGAGTAATATCCTTTGTTAATTCTAAAAGTCATTTTTGGT
TACAACCTATGCTGAGTGTAATAATTGCTTTATTAGATGATGCAACAGATCCATGTTGGG
TTTATATGGATACATATTTAAGGAATGGTCTTGATGGACATTTAGTATCATTAGATTGTA
AACATAGAGCACCAATGCAAATTAATTTCCCTCCACTTTTAATAACTTCTAATATTAATG
CAATGGCTGAATCAGCATATAGATATTTACATAGTAGACTTGTAGCTTTTGAATTTCCCTA
ATCCTTTTCCCTATGAAAGATGATGATACCCCTGAATTTGAGCTAACTGACCAAAGCTGGA
AATCTTTTTTTTACAAGGCTTTGGACACAATTAGAAGTGAAGTGAACAAAGACGAGGGAG
AGGATGGAGACTCTGAGAGAACGTTTCGATGTGTTACAAGATCAACTAATGAACATTTAT
GAAGTTGCTAGTGATACCCTAGAAGCACAAATAGAAGTGGCGGCTTCTTCGTAAAGAA
GCTGTGCTGTTATACCTTTGCTAGGCAAAATGGTGTTTTAAAGACTTGGGTATCAGCCAGTA
CCACCACTTGCAACATCTGAAGCAAAAGCCAAAGAGGCAATTGGCATGATGTTACAGCTG
CAGTCATTACAAAAGTCAGCCTATGCATCTGAAAAGTGGACTTTGGTGGATACCAGCATA
GAGACCTTTAAAAATACTCCAGAAAATCATTTTAAAAAAGGACCTGTAAATGTGGAAGTG
ATTTATGATGGTGACCTGACAATGCAAATTTGTATACAATGTGGAATATGTGTATTAT
TTGGACTCTGAGGACAGATGGCAAAAAACTGAAAGTGGGGCAAATCATACAGGCATTTAT
TATACTATAAAGGATTTCAAGCATTACTATACCTTTGTTTGCTGACGATGCAAAAAATAT
GGTAAATCTGGCCAGTGGGAGGTGAGAAATTAATAAGGAACTGTGTTTGCTCCTGTTACT
AGCTCCACGCCGCCAGAATCCCCAGGACGAGAAAGAGCTTCCCCAGAGTCCACCGCTCAC
ACCAAGACCACCGCCGCTTCCAGCGCCTCCCCGACCACGAAGTCCCACAACAAACCAGT
GACGAAACCAACCGAAAGCGGAGGTACGGAAGGCGAGAATCAAGTCCCACAGAGTCCAAA
CGAAAGCGACGACGGTCTCGTCCAGGCAAAAGAAGCAAGGGCGAAGGTCGCGGTCCAGA
ACAACATCCTCTCAATCTCGATCTCGGTGCGATCCTCTTCTCTAGAGGATCAAGGGGG
TCACGGGGACGAACCCCCAGAGGGAGGGGAAAAACACACAACCCGGGGCAGGGGGAGAGGG
AGTGGAAGGAAAGGTGACAGAAGGGGAAGGAGAAGTCAAGGTCATCCTCCTCTTCTCC
CCCAGGATCTGCACAGATCAGCCTCACAAACCCGATCAAAACAATCCAAGTGTGCTAGG
GACGGTGGCATATCTCCTGGGGACGTGGGAAGATCAGTTCAGACAGTTAGTGGACGAAAT
ACAGGGAGACTTGAAGATTATTGGAAGAAGCTCGCGATCCCCAGTAATTTTAATTAGA
GGGGAAGCAAAATACAGTAAAATGCTTTAGGAATCGGGCAAAACAAAAGTATAAAGGCTTA
TGCAAGGCATTTAGCACAAACATGGTCATGGGTTGCCGCAGATGGCACAGAGCGTCTAGGC
AGGTCCAGAGTGCTCGTAAGTTTTTACCAGCCATACACAGCGCAGCTCTTTTTTAAAGGTA
GTTAAGTTTCCAAAAGGAGTAGATTGGTCTTTAGGCAACTTAGATAAACTATAATACTAA

CTTGCTTTTGCTACTAACATATAACCAAGCTTCTTTGTTTTGTATATTCTTGCAATGG
TGCGTGCCAAAAGAACAAGAGAGATTCTGCAACTAATATTTACAGAACATGCAAGCAGG
CGGGAACCTGTCCCAGTGTGTCATTAATAAAGTGGAAACAACAACCATGCTGACAATA
TTTTAAGATATGGCAGTGTGGTGTGTTCTTTGGTGGCCTTGGAATCAGTACCGGCCGTG
GTACAGGAGGTGCAACTGGATACGTCCCCCTTAAGTGAAGGGCCTGTAAGAGTGGGTAGTA
CACCCACTGTAGTTAGGCCTGCTTTGGTTCCCTGAAGTTATTGGGCCTGCAGAAATTGCTAC
CCGTAGATACCATAGCTCCTGTAGAACCATCCTCATCTTCAATTGTTCCATTAACAGAAA
CTTCTGGTGTAGATTTATTACCAGGAGAAAATTGAATCTATTGCAGAAGTACATCCTGTAC
CTGATGTTGCCAGTTTTGATACACCAGTTGTTACCACCAGTAAAGGTTCCAGTGCAATTT
TAGAAGTTGCTCCCAGTCCAACCTCCTCTACACGTGTACGTGTAAGCAGAACACAATATC
ATAATCCTTCTTTTCAAATTATGACAGAGTCTACACCTACACAAGGTGAAAAGTTCTCTAT
CTGATCAAAATTTTGTGGCTTCTGGTTCTGGTGGACAGTCAGTAGGTAGAGCTGAAGAAA
TCGAGTTGCAAGAATTCCTTAGTAGATATTCATTTGAAATAGAAACACCTACTCCACCAA
GGAGAAGTAGCACTCCTTTACAAAGACTTAGACAAGCTGTAAGGGGCAGATCTTTAACAA
ATAGACGGTTAATACAACAAGTAAATGTAGAAGATCCTTTGTTTTTATCACAGCCATCTA
AATTGGTTAGATTTTCTTTTGATAATCCAGCATTTGAAGAAGAAGTGACACAGCAATTTG
AGCAAGATTTAGATGATTTTATAGAACCACCAACAGAGATTTTCTTGATATTCAAACCTC
TCAGTAGGCCTCAATATTCTGAAACTCCTGCAGGATATATTAGAGTAAGCAGATTGGGAA
AAGAGCCACTATTTCGTACACGCTCGGGGGCCCAAATTGGGTACAGGTACACTTTTATA
AAGATCTCAGTTCCATTGATACCTGAAGACCTATTGAATTAGATTTACTGGGACAACGTT
CTGGTGTAGCCACTATAGTTCAAGGGACTGTAGAAAGCACATTTATAGATGTCAATGTTG
ATGACAATCCTTTATCAGAGTTGGAATCATACCCTGAGGCACATACAGAGGATGCATTAT
TAGATGAAGCAGTAGAAGATTTAGTGGTTCTCAATTGGTAATTGGCAATAGAAGATCTA
CCTCTACTTACACAGTACCTCGCTTTGAAAACCCCAAGAAATGCTACATATTACACACAAG
ACTTAAAAGGTTATTATGTATCATATCCAGAATCTAGAGATGATTTGCAAATTATTTATC
CCTCTCCAGATCTCCCAGCAGTTGTAATTCATACATATGATAATAGTGGGGATTTTTATT
TACACCCAAGTTTACTACGGAGACGCAGACGCAAACGTAAATATTTGTGATTTTTACAGA
TGTCGGTGTGGTTACCTGCCAGTGGTAAGGTATATTTGCCACCTTCAACACCAGTTGCCA
GAGTACAAAGCACGGATGAATATGTACAAAGGACCAATATTTTCTATCATGCATATAGTG
ACAGATTATTAACAGTAGGTACCCATATTACAATGTTTACAATAATAATGGAACAGTAT
TGGAAGTACCAAAGGTTTCAGGTAATCAGCACAGGGTGTTTAGATTGAAATTACCAGACC
CAAATAGGTTTGCATTAGCTGATATGTCTGTTTATAACCCGGAAAAGGAAAGGTTAGTTT
GGGCCTGTAGAGGCTTGGAATAGGGCGGGGCCAACCTTTAGGTGTTGGTACTACTGGGC
ATCCATTATTTAATAAGGTAAATGATACAGAAAATCCTTTAAATTACAGAACTCAGGCAT
TTTCTACTGATGATAGACAAAACCTATCATTTGATCCAAAACAAATACAAATGTTTCATAA
TAGGTTGCACACCATGTGTAGGTGAACACTGGGATGTTGCACCTAAATGTGATGGAGCCA
ATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATACAATTAGTAAACACTGTTATTCAAGATGGGG
ATATGGCAGATATCGGGTATGGTAATCTTAATTTTAAGGCTTTGCAGGAAAATAGATCTG
ATGTTAGTCTTGACATTGTTAATGAAACCTGCGAATATCCTGATTTTTTAAAGATGCAAA
ATGATGTTTATGGGGATTCTTGCTTTTTTTTTTGCTCGCAGAGAGCAATGTTATGCCAGAC
ACTTTTTTTGTAAGAGGTGGCAACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAAATAGACGCAG
GCACATATAAAAATGATTTTTTACATTCCAGGAGCAACAGGTGAGACACAAAATAAAATAG
GTAATCCATGTATTTCCCAACAGTTAGTGGCTCATTAGTGTCTAGTGATGCTCAGTTGT
TTAATAGGCCCTTCTGGCTCCAACGCGCACAAAGTGCATAATAATGGTATTTGTTGGGCAA
ACCAATTGTTTATTACAGTTGTAGACAACACAAGAAACACAACTTCAGTATTAGTGTTT
ATACAGACCTTGGGAAAATAAGGGATATAAATGATTATGATGCTAACAAATTTAGAGAAT
ATCAAAGACATGTGGAAGAATATGAAATTTCCCTTGATATTACAATTATGTAAAATACCTT
TAAAATCAGAAGTACTGGCTCAAATAAATGCAATGAACCCCTCACTGCTAGAGGAATGGC
AATTAGGGTTTGTCCCAACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATA
GTTTAGGCTACACCATGTCCCGATAAGGTTCCACCAAAGGAAAAGGAAGATCCTTATGCAC
CGTTATACATTTTGGAAATGTAGATTTAACTGAAAGATTATCATTAGATCTAGATCAATACT
CCTTAGGGCGCAAATTTCTGTATCAGGCAAATCTTGTACAATCACCAGCTAAACGGTCAT
CATCTATTTCTCGAGGAACTAAAAGAAAAAGAAGCAAATAATTTTACCCTTTTGGTACA
ATAAAGAGTATATCAAACAGTATTCCAAGAATGCTTGTATTATCATATGTCTGACTAATTTG
AACTTTGGCTAGAATGTGAACCGCGCCCGATACAGATAGATAACATCTTGCAACCACAGC

AGAGACAATGAGAACCTTGTAGGTTCCAACACGCTCGGATTTGGCGCATCCTACCACATT
TGGCGCCTTTTCTGCTGGCAAGAAAACCTGCACCGTTAACGGTAAGTTTTTGTATTATGTA
CCAGGCAAGA

>gi|27531786|ref|NC_004500.1|_Human_papillomavirus_type_92,_complete_genome

TATTGTTGCCAACAAATCATCACGCCATAGAAAAACACGTAACCGCCTGCGTTATAATACA
AACAGCTAGTATATAAATACAGGCAGTGAAAGTGTTCCCATCACAATGGCAAAACCTCCT
TCGGTGCAGGAACCTAGAAGACAGTTAGATATTCATTGGAGGACATTTTATTGCATTGT
AATTTTTGTGAGGCTTTTTTAACATTTGAGGAGCTACTGCAATTTGATGCAAAAAATTTA
AATTTAATTTGGAAGGAGAATTATGCTTATGCTTGCTGTGGTGCTTGTGCTAAACAAGTA
GCAGCAATAGAAACAAAACATTTTTATGAGTATAGTGTACAAGGAAAGGATGCTATAGAA
AGGGACTCAGGTAGTCTTTTGTGTTGTTTAACTGTTAGATGTAAGTTTTGTTTAAGACAT
TTGGATTACTTAGAGAAATTGGCAGTTTGTGCATCAGGCATTCCTTTTGATAGAGTTAGA
GGAGCTTGGAAGGCAGTGTGTAGGTTTTGTACAGAGATATGATTGGGAAACAGGCTACTA
TACCAGATATTGTGCTGGATCTGCAAGACCTTGTCAGCCCATTGACCTGCATTGTGACG
AAGACTTGTCAAGAAATCAGGAGGAGGAGCCTGCACCTCAAAGAATAGACTACAAGATAG
TTTCCTCGTGTGGTGGCTGCGGAATTAAGCTTCGAATTTTTGCATCGTGTACCCAATTTG
GAATTAGAACTCTGCAAGACCTACTTCTTGAAGAAATAGCGTTGCTGTGTCCTGACTGCA
AAAATGGCAGATAAAGGTATAGATCCTAAAGAAGGCTGTAGTACTTGGTGTTAATAGAA
GCTGATTGTAGTGTAGATGGGGATTTTGAAGTTATTTGACAAAGACACAGACTCA
GATATTTTCAGATTTATTATGATGATGGGGACCTTGGGGACGCAGAATTGGGAAATCCCCAA
GAGCTGCTGTGCCTGCAGGAGAGAGAGGAGCGATCTACAGCTGCAGCAGTTAAAACGA
AAGTATTTTAGTCCTAAAGCTGTTTTACAGCTTAGTCCACAATTGGAATCTATTACTATT
TCGCCTCAACGCAAAAGTAAGAGGCGACTGTTGAGGAACAGGACAGCGGACTTGAGCTT
TCTTTAACTCATGAAGCTGAAGATTCTGTTGCGGAAGTGAGGTACCGGGGTCAAAGAT
GACGTCCAGAACTGTTTCTGCTACAGCAGAACTAAGGGAAGCCAAAACAAAGACAT
TACAAACAGTTACTACAGTGCAGCAATGCGCGGGCTACATTGCTTAGTAAATTTAAAGCT
GCTTTTGGTGTTAGCTTTACAGAGTTAACCAGAAGATACAAAAGTGATAATACATGTTGC
AGAGACTGGGCAATTATTGTCTATGGGTGCAGGATGAAATTATTGAAGGCTCAAAGCAT
TTATTTTCAGCAGCATTTGTGAATATATTTGGTTGCATGTTTTATCTCCAATATCTTTGTAT
TTACTATGTTTTAAACTGGAAAAAGCAGAAATACTGTAAAGAACTTGTTGATGTCCATT
TTAAATGTTGGGGATGCACAGCTTATAGCTGATCCACCCAGATTGCGAGCGTAGTAGCA
GCTTTGTTTTGGTACAAAGAATCTATGAATAAAAATGTATATACCCATGGAGAATACCCA
GAGTGGATAGCAAATCAAACATTGCTTCTCATCAGGAATATGAAACACAGCAATTTGAT
TTAAGTAGAATGATTCACTGAGGATATGATAATGAATATACTGAGGACTCAGATATTGCT
TATCATTATGCAAAATTAGCAGATGAAGATTCAAATGCTCGCGCCTTTTTAGCTCATAAC
AGTCAGGCAAAATTTGTTAGAGAATGTGGACAGATGGTAAGGCATTATAAAAGAGGAGAA
ATGAAAAATATGAGTATGTCAGCCTGGATTTTACTAGATTGAAATCAATTGAAGGACCA
GGCCATTGGTCAGACATTGTTAAATTTATACGATTTTACGAGATTAATTTTATAATGTTT
CTAGATGTATTCAAGCAATTTCTTGCTCAGTACCTAAAAGAAATTGTTTATTAATTTAT
GGTGCACCTGATTGTGGCAAATCAATGTTTTGTATGTCTTTAATAAAGGCCTTAAAGGGA
AAAGTTATATCGTTTGTAAATGCTAGAAGTCAATTTTGGTTATCTCCATTAGTAGAATCT
AAAATTGCACTACTAGATGATGCCACCGAGTGCTGTTGGAATTATATTGATAATTATTTA
AGAAATGGAATAGATGGTAACATGGTTAGTGTGGATTGTAAGCATAAAAATCCGGTCCAA
ATTAGATTTCCACCATTATTGATTACATCAAATAATAATATAATGTCTGATCCAAAGTAT
AAATATCTGCATAGTAGAATTAAAGCATTGTGAGTTTGTAAATAAGTTTCCATTTAAGGAC
GATGGCAGTCCCTTGTTTGAACCTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTCAAAGGCTT
TGGAGGCAATTAGATCTAAGTGACCAAGAAGACGAGGGTGAGGATGGAGGCTCTCAGCGA
CCGTTTCAATGCATGCAAGACAAGTTAATGACAATTTATGAAAGAGCTAGTGAATCCTT
AAAAGATCAAAATTGAACATTGGAACCTGTTAAGACAGGAGCAGGTGTTATTTTATTATGC
CAGACAAAGAGGAGTATTGCGCCTTGTTTATCAGCCAGTACCTGCATTAACTATTTTCA
GGCTAAAGCTAAGGAAGCCATTGCTATGGTTTTACATTTAGAAGCATTGCAAAGATCACC
TTACAAAAATGAAAAATGGACATTAGTAAATACAAGTGTAGAAACGTTTCGCACACCCCC
AGAAAAATTGTTTTAAAAAGGGCCCTAAGACTATTGAAATAGTGTATGATGGCAATCCTGA
AAATACAATGTTATACACTATTTGGACACATATATATTTTGAAGATGACGAAGGCAACTG
GCAAAAGACTGAGGGACATTTGGACTATCATGGTGCCTATTTTATGGATGGATTAAATAA

ACAATACTATATCAGATTTGCTCAAGACGCACGCAGATTTAGTGAAACTGGAGAATGGGA
AGTTAAGTTTAACAACGAAATTTTGTTCCTGTTACCAGCTCCACCAACTCCGAAGA
AGAAAGGGACCGACCCGCCCTGCCACAGACCCCGGCTCCCTTTCGCAGACATCCGGAGG
ACAGTCCCCCTGTACCCACTCAACGGAAGCAACCATCTAAAGGAAGGTACGGGCGAAAAGA
CTCTGGTGCTACAACCGCCTCCAGGGGGATCCAAAGACGACCGAAAGCGTCACCGAGGAG
ATCACGATCGCGGT CAGGATCGAGATCGGGATCACAAGGAGACGCGCGGACCCCTCCTCAC
AGTCAGACGCGGAGAACGGGAACGGGGACAAGGAAGGGGACAAGGAAGCCGGGTTCGGGG
AAGGAGCGGGGACAGAAGCAGGAGCGGGAGCAGAAGCAGGAGCGGGAGCAGGAGAAGGAG
CAGGAGCAGGGGCAGGAGCAGGAACGGGAAGGGAACGGGGGAGAGCAGCCTCCAGAGGCCG
TAGAGGGTACAGCAACAGGAGGTCAAGATCCAAATCTGTTGGCACAAGTGGCATACCACC
TGAGCAAGTGGGAAGCAGCCTACAAGGTGTTGGTAGACAACATAGTGGACGACTTGCGAG
ATTATTGGACGACGCTAGGGATCCCCAGTAATTTTGTGAAAGGACAAGCCAATACTCT
TAAGTGTTATCGCTACAGGGCTAAAGAAAAGTATAAAGGCTATTATGATTGCTTCAGTAC
TACATGGTCATGGGT CAGTGCAGGTAGCAACGATAGAATAGGACGCTCTAGAATGATTAT
TAGCTTTACCAGTAAATCTCAAAGACAAATGTTTTTAAGTATTATGAAATTACCAAAGGG
CGTTGATTGGTCTCTTGGGTGCTTTGACTCTATTTAACACACTAACCTTTCTAGTTTTTT
TACTAACACATACGTTTCAATAGAATTGTTAATGCATGGCTCGCGCACGCAGAACAAAGC
GTGATTCTGTTACTAATATTTACAGGACCTGCAAAGCAGCAGGCACCTGCCCCCTGATG
TTGTTAATAAAGTGGAGCACTACTGTAGCTGATCAAATTTTAAAATATGGCAGCACTG
GTGTATTTTGGAGGTTTGGGAATTGGTACAGGAAGAGGCACCTGGTGCTAGCACTGGAT
ATGGGCCATTAGGTGAAGGGACGAGTGTAAGAGTTGGAAATACACCCACAGTTATTAGGC
CTGCTTTGGTGCCTGAGGCTATAGGACCAAGTGAACATACTATTGACAGTGTCATC
CTATTGACCCCAAGTGCTTCTTCTATCATACCTTTAACAGAGTCAACAGGTCCTGACCTCT
TACCAGGTGAAATAGAAACAATTGCAGAGGTGCATCCTGCCCCTGACATACCTACAGTAG
ATACACCAGTGGTGACTGGGGGCAGAAACTCGAATGCTGTTCTGGAGGTGGCTGATCCAA
GTCCACCCACACGAAACAGAGTTAGTAGAACACAATATAACAATCCTGCATTTCAAATCA
TATCTGAAACTACACCAAGTGCGGGGGGAAACGTCCTTATCAGACCAAATGTTGTTTCAGT
CATTTGATGGTGGACAATATATAGGTGGTAACCCACCTCCGCGATCAGTAGTTGAAATAG
AATTACAAGAAATTCCTCACAATATTCTTTTGAATCGAAGAGCCAACCCACCTAGGC
AAACAAGCACTCCTGTCAGACAGGCACAACAAATGGCCTCAGCATTACGGAGGGCTTTAT
ACAATAGAAGGTTACACACAGCAGGTTCAAGTGGAAGATCCAATGTTTTATAGTAGACCTT
CCAGGTTAGTTAGGTTTCAATTTGATAATCCTGTATTTGAAGAAGAAGTACTCAGGTGT
TTGAAAGAGACCTAGAACTATAGAAGAGCCTCCTGATAGACAATTTTATAGATGTACAAA
AACTTGGTAGGCCTACCTATGCTGAAACACCTGCAGGCTATATAAGGGTTAGCAGACTTG
GCAAACGAGCTACTATAAGGACCAGGTCTGGAACATAAATAGGCGGT CAGGTACATTTTT
TTAGGGATATTAGCAGTATTGATACTCAACCTTCTATTGAACTGCAAGTTCTTGGGGAAC
ATTCTGGCGATGCTACAATAGTCCAGGGTCCTGTGGAAAGTACGTTTCGTAAATATTGATT
TGGAAGAGTTACCTAATTTAGAGGAAAAATGTACACCTAGAATCTGATGATATACTTATTG
ATGAAGCTATAGAGGATTTTAGTGTTGCCCAATTAGTGTTTGGAAATTCTAGAAGATCAA
ATACTGTTACATTACCTCGCTTTGAAACTGTAAGGGAACTTCTTTATATACTGTAGATT
TAGATGGATTCCATGTGTCTTATCCTGAGAGTAGAGCGTATCCAGAAGTTATTCCTACAG
AACCAGATAATACCCCAACAGTAATAATTCACACAGAAGATTTTAGTGGTGATTATTATC
TACATCCTAGCTTAAAATGGAAGAAACGAAAACGGGCCTATTTATAATTTTTTGCAGATG
TCCTATTGGCTTCAGCAAATGGTAAGGTATACTTACCCCTTCAACACCGGTTGCAAGG
GTACAAAGTACGGATGAATTTGTTCAAAGGACCAACATCTTTTATCATGCAAATAGTGAT
CGCCTGCTGACAGTTGGACACCCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATCCACATGAT
GTATTAGTGCCTAAGGTGTCAGGGAATCAGTTTAGAGCTTTTCGACTGAAATTACCAGAT
CCTAATAGATTTGCTTTAGCTGACATGTCTGTTTATAATCCAGACAAGGAAAGGCTTGTT
TGGGGCTGCAGGGGATTGGAAATAGGGCGAGGCCTTTAGGTGTTGGCACCACAGGT
CATCCATTATTTAATAAGGTATTGGACACTGAAAATCCAAATAAGTACAATACTGGAACA
AAGGATGACAGAGTAACACATCTTTTGATCCAAAGCAAATTCAGTTATTGTTTTAGGA
TGTAACCATATGCTTAGGTGAACATTGGGACACAGCCTTACCATGTGCTGAAAAGCAACCA
GATACTGGGGGATGCCACCATTAGAGTTAAAAAACACTGTTATCTCTGATGGAGATATG
GTTGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTA
AGTTTGGATATAGTAGACTCCACATGTAAATATCCAGACTTTTTTAAAGATGTCAAATGAT

GTATATGGCAACTCATGTTTTTCTATGGACGACGAGAACAATGTTATGTTAGGCATATG
TTTGTGCGCGGTGGTGTGTGGGTGATACCATCCCAGATGCAGTTGTAAATGAAGACCAT
AACTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTAGAAGTCAAATTGCCAGTTCTATC
TATTTCCCTACTGTTAGTGGGTCTTTGGTATCCACTGATGCACAATTATTTAATCGGCCA
TATTGGTTACAAAGAGCACAAGGCCACAACAATGGTATTTGCTGGAGTAATGAACGTGTTT
CTGACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTAACTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGT
GGTCAAATAACCGACTATGATTCACAAAAGATTAGAGAATACACTAGACATGTTGAAGAA
TATGAAATATCACTAATATTACAATTATGTAAAATTCCTTTGGAAGCTGAGATATTAGCT
CAAATTAATGCAATGAATCCAAATATTTTGGAGGACTGGCAGTTAGGATTTGTTCCCTACT
CCAGATAACCCATTTCAGGATGCATACAGATTTATTTCATTCTAAAGCAACACCTTGTCCA
GATAAAGCACAACCTAAAGAAAGAGAAGATCCATGGGCCCCATATACATTTTGGGTGTGA
GACTTAACTGAAAAATTATCTTTAGATTTAGATCAATATTCATTGGGTAGAAAATTTTAA
TTTCAAGCTGGATTAACTAATACATCTGTTAATGGTCTTAAAGAACTAGAAGCAGTTCT
CAAAGAGGTACTAAACGAAAAAGAAAAAGTAACATAAACGGTCAGTATCTTTATTGAAA
ATAAAATTTTGGAACTCATGTGTTATGAGTAATGATTATTATCTATTCTGACTAACTCA
AACATGTTAACCGCGCCCGGTGTATTCAATATAAACGCTGATGGTACAAGTTGTCAAGGA
ACTTGGCAGTCTGAACTACAGTGGTGCCAACACCTGGAAGGCACACAAGATTTGCGCGCC
AAAACACTTGGCAGAACATTTACCCGATAACGGTAAGATTTTATCTTTAACCGGGTGCG
GTCGTTGGGTTACTGTTTAGG

>gi|9627363|ref|NC_001591.1|_Human_papillomavirus_type_49,_complete_genome

CCACATTGTTCCAGCTACATTTTGGCGCCAACCTTTTGGCAGCAACACCAGAACGATAA
CGGTAAGTTTCAATCGGGCGCGGTACATTATACCTTAGTCATCTCTTGTGGTTGTTAACA
ACAATCTTGAAACAGATATACATGTAAACCGCTTGCGTGCTGTACTTTCTTTATTCTTGGA
AAGAATACAGACAGGACACATGGCTAGACCTGTTAAGGTATGTGAGCTAGCCCACCACTT
AAATATACCTATTTTGGGAAGTTTGTCTTCTGTAATTTTGCACGGGGTTTCTAACATA
TCAGGAGTTGTTAGAATTTGACTATAAAAGACTTTAATTTGCTGTGAAAAGACGGATTTGT
CTTTGGTTGTTGTGCAGCTTGTGCCTATAGATCAGCATATCACGAGTTTACTAATTATCA
CCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAAATAGAAGGACGAGCAGCGGCTAATATTGCTGAGAT
AGTAGTCAGATGTCTCATTTGCCTTAAGAGGCTAGATTTGTTGAAAAGCTTGATATTTG
TGCACAGCACAGAGAGTTTCACAGAGTTAGAAATAGGTGGAAGGGGTGTGTAGACATTG
CAGAGTTATAGAATGATTGGGAAAGAAGTTACAATACCAGATATAATACTACAAGAAGAG
TTTGGCCAGCCATTGACCTGCAATGCTACGAGAATCTAACAGCTGAAGCGCCAGCTGAA
CAAGAGTTGGAGGCAGAGGAGGAGCTTATCCAAGGCATCCCTTACAAAGTTATTGCTACT
TGTGGCGGCGGATGCGGTGCCAGACTGCGAGTCTTCGTGTTAGCCACTGACGCTGCTATT
AGAAGTTTCCAAGAACTGCTTCTGGAGGAACTGCAATTCTTGTGTCTCAGTGTCTGTGAA
GAAATTCGGAATGGCGGACGATAAAGGTACTGATCCCAAAGAAGGGTGTAGCGAGTGGTT
TATAGATAATGAAGCAGACTGTAGTGATTTAGAAAATGATTTGGAACAATTATTTGATGA
AAGCCCCAAAGTCCAATATTTCAAATTTGTTAAATGATGAGGAGGATGTGGAGCAGGGAAA
TTTCGCGAGATCTGCTTCGCCAGCAGGAATTTGAGGAGAGCGCGGAGCAAGTACAAAAGTT
AAAACGAAAAGTATTTTCAGTCTTAAAGCAGTTCAACAACCTTAGCCACGGTTGCAGTCTAT
GTCAATATCTCCGCGACAAAAGTCTAAACGAAGGCTATTTGAGGAGGACAGCGGGCTGGA
ATTATCGGGGCTCGAACAGTCTTTGACTAATGAAATTGAAGATACTCCTGCGGAGCTGGA
GGTACCGGCGGCAACGCCGCGCAGAGCAGGGTGGTCAGGGAGAGGGCAATTTGCATTATAA
AGAGTTAATGCGATGCAATAATAGTCGTGCAAAATTATTAAGTAAAGTCAAGGAATATTT
TGGTGTGGGTTTTTATGAGTTAGCTAGACAGTATAAAAGTGATAAAACATGCTGTAAAGA
TTGGGTAAATGCGACCTATGGCGTGCGAGAAGAGCTGGTAGAAAAGTGCAAAACAATTACT
TTTAAATCATTTGTTCCCTATGTGTGGATAAAATATAAATGGGATTATGACTTTATATTTACT
GTGTTTTAATCATGCAAAGAGTAGAGAACTGTTGGTAGATTGCTTATGTCAATACTGGA
TGTACAATTATTGCAATTAAATTTGTGAACCACCAAACTAAGAAGTGTTGGTGTCTAGCACT
ATACTGGTACAAAGGCAGTATGGACTCATCTGTGTATGCTCATGGAGCCTATCCTGATTG
GATTGTAAATCAGACCATGATAAGTCATCGGTCAGCAGCAGATGCTATGCAATTTGACCT
TTCTGAAATGATACAATGGGCCTATGATAGCGATCTCACAGATGAAGCTGACATTGCATA
TCTTTATGCTAAAATGGCAAATAGTGACTCTAATGCAAGAGCTTGGTTAGCACATAATAA
TCAGGCAAGGTACTTAAAGAGAATGTGCTCAAATGGTTAGACATTACAGACGGGGAGAAAT
GAGGGATATGAGTATGTCTGAGTGGATACATCACAGAATACAACAAGTAGAAGGGGAAGG

CCATTGGTCTGAAATAGTTAAGTTTATAAGATTTCAAGAAATAAACTTTATAATATTTCT
GGATGCATTTAAACAGTTTATACATGGCAAACCTAAAAAAGCTGTTTATTAATACATGG
GCCGCCGGACTGTGGCAAGTCAATGTTTGCTATGTCATTATTAAAAGTTTAAAAGGCAA
GGTAATTTCAATTTGTAAATGCAAAAAGTCAATTTTGGCTGTCTCCACTTTCAGAATGTAA
AATAGGGCTGTTGGATGATGCTACCGATCCTTGTTGGCAATATATAGATACATATTTAAG
AAATGGTCTCGATGGAAATGTTGTAAGTGTGGATTGCAAACATAAAACCCCTATGCAAAT
TAGGTTCCCACCATTGTTAATAACTTCAAATTATAATATTAAAGCTAATGATAAATATAA
GTTTTTGTACAGTAGAATTGCAATATTTGAATTTAAACATAAGTTCCCATTCAAAGAGGA
TGGTACCCCTGTATTTCAACTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTG
GACACAATTAGAGCTCAGTGACCCAGAAGACGAGGCAGACAATGGAGGCACTCAACGCTC
GTTTCAATGTACTACAAGAGATGTTAATGGACATTTATGAATCAGGGAAAAGAGGATCTTG
AAACACAAAATAGAACATTGGAAGCTGTTAAGACAGGAACAAGCTTTATTATTTTTTGCAC
GTAAACACAGCATAATGAGACTGGGGTATCAACCCGTACCTCCGATGGCAGTATCTGAAA
CCAAAGCCAAAACAGCTATTGGCATGATGCTAACTTTGCAAAGCTTGCAAAGTCTCCTT
TTGGAAGAAAAGTGGACTTTAGTAAACACAAGTCTTGAAACATACAATGCACCACCAG
CACAGTGCTTTAAAAAAGGTCTTTATAATATAGAAGTTATATTTGATGGAGATCCTGAAA
ATCTAATGGTATATACTGCTTGGAAGAGATTTATTTTGTAGACTCAGATGATATGTGGC
AAAAGGTGCAAGGTGAGGTGGATTATGCAGGTGCATATTATAAGGATGGAACATATCAAAC
AGTATTATGTTACCTTCGCTGATGATGCTGTTAGATATGGGACATCTGGACAATATGAAG
TCCGCATTAAACAAGAACTGTGTTGCTCCTGTTACTAGCTCCACCCACCATCCACGG
GGCTACGAGAATCCTCCAACGCCAGCCCCGTTACGACACCGTCGACGAGACACCCACCA
GCACCACAGCAACCACCACCACCTTCAGCACACCACAGCCACAGCCACAGCCACAGGAG
CACCTGAACTCTCATCCAAAACCGGTACCAGGAAAGGAAGGTACGGGCGAAAAGACTCTA
GTCCTACAGCAGCCTCCAACCTCAGGAAAAGAGGTCTCGCGACGACGATCCAGGTCTAGAA
CCAGGACCCCGCAGACGGGAAGCGAGCACCTCAAGGTCCCAAAAAGCCAGCCGTTCCAGAT
CCAGATCCAGATCCACTTCCAGAGGATCCAGAGGGTCCGGAGGATCTGTCACAACCTCCA
GAGATTCCAGCCCCAAGAGAACCCGCAGGGGCAGAGGGAGGGGAGGGAGAAGTAGAAGGT
CACCCACCCCCACCTCCACCAGTAAACGGGAAAGAAGGCGCAGCCGGTCAAGGGGGGAG
AGCCTGTTTCTGGAGGGGTGGCATCTCGCCTGACAAGGTGGGATCAAGAGTACAAACAG
TTAGTGGACGACATCTTGACGACTTGGAAGGTTACTGGAGGAGGCTAGCGATCCTCCAG
TAATACTTTTGCGAGGAGACCCAAATATTTTAAATGTTACAGATACAGAGATAAGAAGC
GTAAATTAGGTTTAGTAAAACATTATAGTACCACCTGGTCATGGGTGGTGTAGATGGCA
ATGAAAGAATAGGTAGATCACGTATGCTTTTAAAGTTTTACTTCAAACAGCACTAGATCAC
AGTATGTTAAAATTATGAAGCTCCCTAAAGGTGTGGAATGGTCTTTTGGTAATTTTGATA
AGCTTTAACATTTTGCTAACATACTAACGGTGCTTGCACTACTAACACATTAATCTTTTA
ACATTTTTTATATTGCTTTTTTTATTTTTTATATAATGGTGCGTGCTCGCAGAACAAAGCGAG
ATTCTGTAACAAACATTTACAGAACCTGCAAACAGGCAGGAACTGTCTCCGGATGTTG
TTAATAAAAGTGGAACAAACTACAATTGCTGACCAAATATTAAAATTTGGCAGCACTGGTG
TGTTTTTTGGTGGTTTGGGAATAGGTACAGGCCGTGGTACCGGTGGCAGTACTGGCTATG
TACCTATAGGTGAAGGCCAGCAATACGTGTTGGGGGCACTCCAAGTGTTGTTGTTCCAG
GTATACTCCCTGAGGCTATTGGTCCGGCGGATATCATTCCTATTGATACTGTCAATCCAA
TTGATCCAAATGCATCATCTGTGGTCCCACTCACTGACACAGGACCTGATTTGCTACCTG
GGACAATTGAGACTATTGCAGAAGTGAACCTTGCCCCAGATATTCTTAGAGTTGACACAT
CTGTTGTCAACAAGCAGAGGCTCCAGTGCTGTATTGGAGGTTGCCTCTGAACCCACAC
CACCCACTCGCACCAGAATTTCCAGAACACAGTACCATAATCCCTCTTTTCAAATATTAA
CTGAATCTACACCTCTTTGGGAGAATCTGCATTAAGTATGATCATGTTGTTGTTACTAGTG
GTTCTGGTGGTCAACCAATAGGTGGAGTTACACCAGTTGAAATAGAATTACAAGAATTTC
CTAGCAGATATACTTTTGAATAGAGGAACCTACACCACCAAGACGCTCTAGTACCCAC
TACGCAACATCACACAAGCTGTAGGAAATTTAAGAAGATCACTATATAATAGGCGACTTA
CTCAACAAGTAAATGTCCAGGATCCATTATTTTACAACAGCCCTCACGTTTAGTTTCGCT
TTGCCTTTGATAATCCTGTGTTTGAAGAAGGTTACACAAATATTTGAAAGGGACGTAG
CAGCTGTAGAAGAACCTCCAGACAGAGACTTTTTTAGATATAGCAAAATTAAGCCGCCCTC
TTTACTCTGAAACACCACAGGGATATGTCAGGGTAAGCCGCTTAGGTAATAGGGCTTCTA
TTAGAACACGTAGTGGAGCTACAGTAGGGGCTCAAGTGCATTTTTTATACAGATCTTAGCA
CAATCGATGCAGAGGAGTCTATAGAGTTATCACTATTAGGGGAACATTCTGGTGATGCTA

CTATTGTCCAAGGCCAGTAGAAAGCTCATTTGTAGATTTAAATGTTTCAGGAACTGCCTC
AAGTAATAGAAGTAGACCCAGAACCTACTTCCACTCTGATGATTTGCTACTGGATGAGC
AAAATGAAGATTTTTCTGGCTCCCAGTTAGTTTATGGTAGTGGCAGGCGTTCTACCACAT
TACTGTACCCCGCTTCTCTACTCCCAGATCTGATACCTTTTATGTACAAGATTTGGAAG
GTTATGCTGTGTCATATCCTGAACGAAGGAATTATCCAGAAATTATTTATCCTCAACCCG
ATTTGCCAACTGTAATAATTCATACTGCAGATACCTCTGGGGACTTCTATTTACATCCAA
GCCTTCGCAGGCGAAAACGTAAACGCACCTATTTATGATATTTCTTTTCAGATGACCTCGC
TATGGTTACCTGCAACTGGTAAGGTATATCTACCACCTTCAACACCTGTGGCAAGGGTAC
AAAGCACGGATGAATACATTCAGAGGACAGACATCTACTATCATGCTAATAGTGATCGAT
TGTTAACTGTAGGACATCCATATTTTGATGTGAGAGATACAGCAGACAATTCTAAAATTT
TAGTACCAAAGGTTTCAGGTAATCAATATCGAGCCTTTAGATTACTATTACCAGATCCCA
ACAGATTTGCACTAGTAGATATGAATATATATAACCCAGAAAAGGAAAAGATTAGTATGGG
CCTGTAGAGGCTTAGAAATTGGTCGTGGCCAGCCTTTAGGTGTTGGTACAACAGGACATC
CATTGTTTAACAAAGTCAAAGATACTGAAAATGCTAATAACTATATAGTAACCTTCTAAAG
ATGATAGACAGGATACTTCATTTGACCCTAAACAGGTACAAATGTTTATCATAGGTTGTA
CTCCTTGTATGGGTGAGTACTGGGACGCTGCTAAACCTTGTGATGCAGATGCTGGTCAGG
GTAAATGCCCTCCATTAGAATTAATCAATTCAGTTATACAAGATGGTGATATGATTGATA
TAGGTTTTGGTAATATCAATAATAAGACATTATCTGTTAACAGATCTGATGTCAGTTTGG
ATATAGTAAATGACATTTGCAAGTATCCTGATTTTTTAAAGATGGCAAATGACATATATG
GGGATGCTTGTCTTCTATGTCTAGACGTGAACAATGTTATGCCAGGCACTTCTTTGTTA
GAGGTGGTAATGTAGGGGATGCGATACCCAACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACA
TATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAAATACTCTTGGCAGCTCCATCTATTTCCCTA
CCGTCACTGGCTCTTTGGTATCTACTGATGCGCAGCTATTCAATAGACCTTTTTTGGTTAC
AAAGAGCACAGGGTCACAACAATGGAATTTGCTGGGAGAATCAGCTTTTTTATAACAGTGG
CTGATAATACCAGAAATACCAATTTTACTATTAGTGTAAGTACGGATGGCCAGACACCTA
CAGAATATGACAGTACCAAGGTTAGAGAATTTTTAAGACATGTAGAGGAATATGAAATTT
CAATTATATTACAATTGTGTAAGGTACCTTTAGAACCGGAAGTCTGGCACAAATCAATG
CTATGAATCTTCTATATTGGAATTTGGCAATTGGGATTTGTTTCTACCCCTGATAATC
CTATACATGACACATATAGGTATCTTACATCACAGGCAACACGATGCCCTGACAAACAAC
CTGCTCCAGAAAGGAAAGATCCATATGAGCAGTATAACTTTTGGACTGTAGATTTAACAG
AAAACTGTCTTTGGATTTGGATCAATATCTTTAGGAAGAAAGTTTTTATTTCAAGCTG
GGCTACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAGCTTCCACACGGGGTA
TTAAACGAAAACGGAGATGACCGTTTTCGGTTGCTGGGTCTTATAATAAAATATTTTATA
AACTGTTTTGTTATGTGAGGCATGTTTTAACCGAGTTCGTGACTAAGATTGATTAACCCA
CCTGCAACCGCACCCGGTTAATCAGATTATAAAGGTGCGCCGGTGTTACCTCTGGCTAC
TTGGCAGTTACAAGTTCACCTCTGCCAGAAGTGTGTTTTTGCCAAGACATTTGCCAAGTA
>gi|9627334|ref|NC_001587.1|_Human_papillomavirus_type_34,_complete_genome
ACTATAATCCTACTATAAAATATAGGGTGTAACCGAAAACGGTTGCAACCGATATCGGTG
CATATATAAGTGCTGCAGTACACTGCTGGACAGATTGGGAAATGTTTTTCCCAATCCTG
AGGAACGGCCATACAAGCTACCAGCCTTATGTGAAGAGGTCAACATTTCAATACATGAAA
TAGAATTGGACTGTGTGATTGCGAACGACAACCTGTACAGATGTGAGGTATATGATTTTA
TATTTAGAGATTTATGTGTTGTATATAGAAAAGGGGAAACCACTTGGGGTATGTCAACCGT
GTTTACTGTTTTACTCAAAGGTTAGACAATATAGAAGATATAACCAATCAGTGTATGGAC
GGACGTTAGAGAATTTAACTAACAAACAGTTGTGTAATATTTTAATAAGGTGCGGAAAAT
GCCAAAAACCACTGTGTCCATTGGAAGGCAAGGCATGTAGATGAAAACAAACGGTTTC
ACCAATAGCGGATCAGTGGACCGGACGCTGTACACAGTGTGAGACCATCTGCAACAG
TGGTGTAAGAATGCATGGAAAAAACAAGTGTGCAGGACATTGTGTTAGATCTGAAACC
AACGACCGGAGACTGACCTTACATGTTACGAGTCATTAGACAACCTCAGAGGATGAGGATGA
AACAGACAGCCATCTAGAAAGACAAGCTGAGCAAGCCTGGTACAGAATAGTTACTGATTG
CAGCAGATGTCAGTCCACAGTGTGTCTTACCATTGAGAGCACACACGCTGACCTATTAGT
GTTAGAAGACTGCTTATGGGTGCACTAAAAATTTGTGTGCCCCAACTGTTCCAGACGCCT
ATAACAGAAGATGGCTGATTAGGTAATTGGGAAGGGAGGTGTTCCGGGATGGTTTTAATGT
AGAAGCCATTGTAGAAAGGAAAACAGGGGATGCAATACCAGCAGATGAAAATTTATGATGG
GGACGATACAGAGGATTCTGAAATGGGGGATTTTATTGATAATGCACACATATCTAATAT
ATATTCACAGCAGGAAATTGCACAGGCATTATATCACTCACAGCAAGTTAATGCAGACAA

TGAGGCTATACGTGTTCTAAAACGAAAGTTTGCAGGTAGTGCTGGCAGTAGCCCAGACAG
TAAAAGACATGAATTGAAACACAAACAGCGTAGTCCACATATATTGACGATAAGGGACAC
TAATACTACATCTACACACCTATTGTGTGAGGAACAAGACAGCGGATATGGCAATACTGA
AGTGGAACCGTACGAGAGACAGGTACCGGGGCCGGGGGATGTTTACAAAGTACTAGCAG
TAGTAACAACGGCAGCCAAATGGCGTCGCCAGGGGAAACAAATAGTGGGTCCAGTAGCAT
TTCAAATATGGATATAGACATGGAAAGCACACCTATAACGGACATTACAAACATATTAAA
AAGTAGTAATGTAAAGGCAACATTATTAGCAAAATTTAAAGAGGTATATGGATTAAGTTA
TATGGAATTAGTAAGGCCCTTATAAAAAGTGATAAAACACAGTGTCAGGACTGGGTATGTGC
AGTGTTTGGGGTAGCGCCATCATTGGCAGAAAAGTTTAAAATCATTACTAACCCAATATTG
CCTATACATACATCTACAATGTTTAAACATGTTCTGGGGTATAATAGTATTATTGTTAGC
AAGATTTAAGTGCAATAAAAATAGATTGACAGTACAAAATTTATTACATGGGTATTAAA
TGTAACACAGGAATATATGTTAATAGAACCACCTAGACTAAGAAGCACGCCATGTGCATT
ATACTGGTACAGAACTAGCCTATCAAACATTAGTGAAACGGTGGGAGAAGTACCCGAATG
GATTAAAAGACAAACAGTAGTACAGCACAGCTTAGAGGACTGTCAATTTGACCTATCTCA
AATGGTACAGTGGGCATTTGATAATGACATAACAAATGACTGTGAAATAGCATATAAATA
TGCATTATTAGCATCTGAGGATAGCAATGCTGCTGCATTTTTTAAAAAGCAATGCACAAGC
AAAATATGTTAAGGATTGTGGAACAATGTGTAGACATTATAAAGCTGCAGAACGTAAACA
AATGACTATGTCACAATTGGATTACACATAGATGTGATTTAATAGATGATGGAGGAACTG
GAAACATATTGTGCAATTTTTAAGATATCAGCAGGTTGAATTTGTACCGTTTTTAATTGC
TTTTAAACAATTTTTAAAGGGTATACCAAAACAAATTTGTATAGTTATATATGGACCACC
AGATACAGGAAAGTCACATTTTTGGAATGAGTTTAAATGCAGTTTATGCAAGGTGTGGTTAT
TTCATATGTAAATTCCAATAGTCATTTTTGGTTATCGCCATTGGCTGATGCAAAATGGC
ATTATTAGATGATGCAACACCTGCATGCTGGACATATATTGATAGATATTTAAGAAATGC
ATTAGATGGCAATCCTATGTGTTTAGACAGAAAACATAAACATTTATTACAAATTAAATG
TCCTCCATTACTAATAACATCAAATACAAATCCTAAAGCAGATGATACCTGGAAATATTT
GCACAGTAGAATGAAAGTGTTTACGTTTTCAAATCCATTTCCATTTGACAGTAATGGAAA
TCCACTATACCAACTTACTAATGAAAACCTGGAAGGCATTTTTTACAAAGACGTGGTCAA
ACTAGATTTAACAGAGGACGACGACAAGGAAAATGATGGAGACACTGTGCAAACGTTTAA
GTGCGTGTGAGGACGCAATCCTAGAACTGTATGAACGTGATAGTATACATTTAAGTGATC
ATATTGATCACTGGAAACACGTGCGACTGGAAAATGTATTATTACATAAGGCACGTGAAA
TGGGACTGCAATCAGTTAACCAACAAGCGGTGCCAAGCCTTGACAGTATCACGATCCAAAG
GGCATAATGCAATTGAACTACAATTAGCCCTAGAAAGTTTAAATGAATCAAGCTATAACA
CAGAAGAATGGACATTACAACAGACAAGTTGGGAACAGTGGGTAACGGACCCAAAACAAT
GTTTTAAAAAAGGTGGAAAAACAGTAGAAGTTAGATATGACTGTGACAAGGACAACACCA
TGCAATATGTGGTATGGACATTTGTGTATTATTGGTTGGAAGGCAAGTGGTATAAAGTGA
GTAGCCATGTAGATTATAATGGTATATATTATGAAACACAGGACAATGAAAAGGTATATT
ATACACAATTTGACAGAGATGCAAAACGATATGGGGTTAAAGGAATATGGGATGTATGTA
TGGGCGGTAAAGGTAATATGTTTTGCTCCTGTATTTAGCCCGTGTGAAGTATCCACTCCTG
AAATTGTTAGACCCCTGCACACAAGCAACAGCAGCAACGCACAGGACGCGGGTGTGCCAA
CACGGAAACGGCATAGACAGTGTGACCCAGACGAGGGGCCCTTGGACTTTGTACATAACC
TACAGCCCACAACAGACTCATCGACCCAGTGACTCTACATAATGTTGCGCCAATAGTAC
ATTTAAAAGGTGACAAAAACAGTTTAAAATGCCTAAGATATAGGATGCATAAAGGTATT
CACATTTGTTTAATAATGTAACAACCTACATGGCATTGGACCAATAATACAAATAGTAAAT
GTGGTGTAATTACATTTATGTTTTCCAGTACATCCCAACAAAAACAATTTTTACAATGTG
CTAAAATACCACTATATCAGTGTATCAGGGTATATGTCCATATAACACAAATATG
TAACATTGGTTACAATTGTATACATTGGTATACTGTATAATGTCATGATCATTTTTATAT
TTGTAATTTGTTTGTCTTTGGCTTTTATATGTGCCTGTCTGTGTGCTGCTGCAAGTGTCTG
TGTGTGTTTATGCATGGTATTATGCTTTTGATTATAATTACTTTTTTACATGTGTCCCAAT
CCCTGTTAAAGTATATATATATATGTGTGTTTATATTCTATGGCAGTGGTAC
ATTACCATTGCTACCTTGCAAGTAACATAAATATTTTCATATATATACAATAAATTTATTG
TTTGTGTACCAGTGTGTAGTTTACCATGCGTCGCAAGCGTGACACACATATAAGACGTAA
ACGTGCATCAGCCACACAATTATACAAAAACATGTAAGCAAAGTGGCACATGTCCCCCTGA
CATAATTCCAAAGGTTGAGGGCAATACTTTAGCTGACCAAATATTAATAATATGGTAGCAT
TGGGGTATTTTTTGGGGGTTTGGGTATTGGTAGCGGGTCAGGAACCGGGGGTTCGTACAGG
ATATGTGCCATTACCCACAACCTACTCCATCTAGACCAGTTGAAATTCCTTTGCAACCTAC

CAGACCTCCTGTTATTACATCTGTAGGGGCCTCTGATTCTTCTATAGTTTCATTAGTGGA
GGAGTCAAGTTTTATTGAAGCTGGTGTGCCAGGTCCTACCTCCATAGTGCCTTCTAGTTC
TGGATTTAATGTAACAACATCTGTGGACAGTACACCTGCTATTATAGATGTGGCAACTAT
AAGTGACACTACACAAGTATCTGTTAGTACATTTAACAATCCAACTTTTACTGACCCATC
CGTGTGCAACCTCCTCCACCCTTAGAGGCCTCTGGCAGACTTTTTATTTCAAATGATAC
TGTAACTACTCATTCCTTATGAAAATATACCTCTTGACACATTTGTAGTTACAACAGATAA
CAATAGTATTGTTAGTAGTACGCCCATTCCAGGGAGGCACCCTCCTGCACGCTTAGGGCT
TTATGGACGTGCTATACAACAGGTTAAGGTTGTAGACCCTGCTTTTGTAACAACGCCTAC
ACGTTTGGTAACATATGATAATCCTGCCTTTGAGGGCCTGCAAGATACCACATTAGAATT
TCAGCACAGTGACTTGCATAATGCTCCTGACTCTGATTTTTTAGATATTGTAAAGTTACA
TAGGCCTGCTTTAACTGCTAGAAAACTGGCATACTGTTAGTAGACTAGGACAACGTGC
CACTATGTTTACTAGAAAGTGGCAAACGTATAGGTGGTAGGGTACATTTTTATCATGATTT
AAGTCCAATACCTACGGAAAATATTGAACTGCAGCCTTTACTGCCTTCTGCATCTGCTAC
TGTAACAGATGCTAATGGCATTAAATGATGGGCTATATGATGTATTGTTAGATAATAATGT
AGATATTACTGAAGTGGAAACACCTACTGGTACAAACACACAAAGTGTTTTTGCAAGTGA
GATTTCCACTACAACGCAAATACCACTATTCCTTTAAATGCTGGTTTGATACACATCC
TGGCCCTGATATTGCTTTACCTGTACCTACTGCAGAAACCATTTTTACCCCAACTGTACC
TGTACAGCCTTCTGGTCTATATATATATATGGGTCCGATTTTTATATTGCATCCTAGCTT
GTATGTCATTCCACGCAACGCTAAACGTTTGTCTATTTTTTTTGCAGATGTGGCGACCTA
CTGAGGCAAAAGGTATACCTGCCCCCTGTGTCTGTATCTAAAGTTGTAAGCACTGAAGAGT
ATGTAACACGCACAAATATATATTATTATGTCAGGTAGTACAGCTTGCTGGCAGTAGGAC
ATCCCTATTATCCTATAAAGGATACTAATGGGAAACGTAAGATTGCTGTACCTAAAGTTT
CAGGTTTTGCAATACAGGGTATTTAGAATACGTTTGCCAGATCCCAATAAATTTGGGTTC
CAGATGCATCTTTTTATAATCCTGACAAGGAGCGGTTGGTTTGGGCCTGTGCAGGCGTTG
AGGTTGGACGCGGACAGCCATTAGGTATAGGTACTAGTGGTAATCCTTTTTATGAATAAAC
TTGAGGATACTGAAAATGCTGCAAAATATATTGGTGGAAACATAGCAGATAGTAGGGAGT
GTATGTCAGTAGATTATAAACAAACACAGTTATGTATTGTAGGCTGTAAGCCTCCCTTAG
GGGAACATTGGGGTACAGGCACACCATGTGGTACCCAAAATGCTGGGGAATGTCCTCCGC
TTGAATTAAAGAACCACTATACAGGATGGTGATATGATTGATGTGGGCTTTGGTGCCA
TGGATTTTAAGGCCTTACAGGCAAATAAAAGTGATGTGCCCATTGATATTCCAACACTA
TATGTAAATATCCAGATTATCTAGGCATGGCCGAGATCCCTATGGCGATTCTATGTGGT
TTTATATTTCGTAGGGAACAAATGTTTGTAGACACCTATTTAACAGGGCAGGTACTGTAG
GCGATGCTATTCCAGATGACTTAATGATTAAGGGTACAGGCAATACTGCATCGCCATCCA
GTTGTGTGTTTTATCCTACTCCTAGTGGGTCTATGGTATCCTCAGATGCACAAATTTTTTA
ATAAGCCTTATTGGTTGCAAAAGGCCAGGGACAAAACAATGGCATTGTGCTGGCATAATC
AACTGTTTTTAACGTGTGTAGATACTACTAGAAGCACAACTTTTCAGTTTGTGTAGGTA
CACAATCCACAAGTACAACCTGCACCATATGCAAACAGTAATTTTAAGGAATACCTCAGAC
ATGCAGAAGAGTATGACCTGCAGTTTGTGTTTTAGTTATGCAAAATCAATTTAACTACAG
ATGTAATGACATATATACATTCTATGAGTTCATAGTATATTGGAACAGTGGAATTTTGGTC
TTACACCACCGCCTTCAGGTACTTTAGAAGAAACATATAGATATGTTACTTCACAGGCCA
TTACATGTCAGCGTCCGCAACCTCCTAAGGAAACAGAGGACCCATATGGTAAAATGACAT
TTTGGGAGGTAGACCTTAAAGAAAAATTTCTGCAGAATTAGATCAGTTTGCCTTAGGTA
GAAAGTTTTTATTACAACCTAGGTATGCGTGCCCGTCCTAGGTACAGGCCTCTAAACGGT
CTGCACCTTCATCATCTAGTACAGCACCTAAGAAAAACGTGCAAAACGTATTTAATTAA
ATGTATGTGTGTTGTGTTTGTGTATGTGTATTGTGTGTTTGTATATGTTTGTGTATGTGT
ATTGTGTGTTTGTATATGTTATGTAATGTATGTATTATTGTATTGTTGTATGTGGTGTGG
TATTGTATGGCATATGGTGTGTACATGTGTGTGTATGTATGTATGTATGTGTTTTATGT
TCAATAAACTATATATATTTGTGTGAGTGGTTTTTAATAGCCACTGTGTCTCCATTTTGT
CATTCGCCATTTTATATATATTTTTAAAGTTATTCTGCGACCGCTTTCGGTTGCCATATACTAT
AACATGCTTTTGGTCTGTTTTGTGCTGTTTTAGCACAAAGGTTTAATGTGTTTTGGCTTCCT
GCAGGCAACTTGGATTGTACTCAAGCACTTAGGATTAACATGCTTCCTGCTTATGTTTCA
TCCTACGCAAGGTCATACACGTTTTAAGGCGCCACCTGGCAGTTACTCATGTGTCTGCAAT
TGTTACTACAATGTTTTGCACACACATTTTTTACCCACCCTCTCATAAAAATTGCTTTTTAA
TCACATACTTGTACTATGTAAACAGTGTACCTTGGCAGAACATTGTATTTTACATGCCAG
GTAATTGTTGAAAACCTGACTAAGCAGTGCTTACTCATTTTTGCACCTGGACTGTTAAACCG

TTTTGGATCACACAGTGTACCAACCCCTTTTATAATTATAAAAA

>gi|9627327|ref|NC_001586.1|_HumanPapillomavirus_type_32,_complete_genome

TAATCTTTGAATTATAAAAAAGTAGGGAGGAACCGATATCGGTTTAACCGAAAACGGTGC
ATATATAAACACCCTGGGCAGTGGTCCTTGTTAAGGCAGAATGGCAAGTACTTCTGCCT
CATCACAGCCAAGTACATTATACCAATTGTGCAAAGATTTTGGGCTGACCTGCGGAATT
TACAAATCTGCTGTATTTGGTGTAAAAACCACCTTAACCAGTGTGAAGCGTATGCATATC
ATTTTAAAGATTTGCACGTAGTGTGGAAGAAAGGCTTTCCATATGCCGCCTGTGCCTTCT
GCTTAGAATTTTATTCTAAAGTGTGTGCACTGCGACACTACGACAGATCAGCATTTTGGC
ATACAGTAGAACAAGAAACAGGACTACTGTTGGAAGAACAATAATTCGCTGTGCTATAT
GTCAAAAGCCTTTATCGCCAAGTGAGAAAGATCATCATATTTATAACGGACGGCATTTC
GATTCAATTTTAAATAGGTGGACGGGTCGCTGTACCCAGTGCAGAGAATAATGCGTGGAAA
CGCACCAACGCTAAAGGACATTATTTTGTATGACCTGCCAACGTGTGACCCGACAACGTG
CGACACACCGCCGGTTGACCTGTATTGTTATGAACAATTTGACACCTCAGATGAAGATGA
TGAAGACGATGACCAACCTATAAAACAGGACATACAACGTTACAGAATAGTGTGTGGTTG
TACACAGTGTGGACGGTCAGTTAACTTGTGTGTCAGTAGTACAGGCGCGGACATACAACA
GCTGCATCAGATGCTTCTGGACACACTGGGCATTGTGTGTCCATTGTGTGCCTGCGTGG
GTGACTGCAATGGCGGATGATACAGGTACAGAGGAGGGGCTAGGGTGTCTGGTTGGTTT
TCTGTAGAAGCAATAGTAGAAAGGACTACAGAAAATACTATATCAGACGATGAGGATGAA
AATGTAGAGGACAGCGGTTGGACCTCGTAGATTTTGTAGACGACAGCAGAATAATACCT
ACAAATCAATTAAAGGCGCAGGCATTATTAAATAGGCAACAAGCACATGCAGATAAGGAG
GCAGTACAGGCACATAAACGAAAGTTATTAGGCAGTCCATATGAAAGTCCCGCCAGTGAT
TTACAGGAGAGCATAAACAAGAGCTAAGCCCTAGGCTTGGTGGATTACAGTTATGTCGG
GGGTCCCCAAGGGGCCAAACGACGACTATTTCAATCATTGGAAAATCGCGACAGTGGATAT
GGCTATTCTGAAGTGGAAATACGGCAGGAACAGGTAGAAAATGGACATGGCGCCCCAGAC
GGGAGTATGGGTAAACGGGGGGGGCATGGGCAGTGTACATGGGGTGCAGGAAAATCAGGAA
ATAGGCACAAAATACGCCTACAACAAGGGTGGTGGAAATTGCTTAAGTGTAAGAACTTGCAA
GCAACATTGTTAGGTAAGTTTAAAGAGCTGTTTGGATTGTCATTTGGTGATTTAGTAAGA
CAATTTAAAAGTGACAAAAGTAGTTGTACAGATTGGGTAGTTGCAGCATTTGGTGTACAT
CATAGTATTGCAGAAGGCTTTAATACACTAATTAAAGCAGAGGCGTTATATACACACATA
CAATGGTTAACCTGTACCTGGGGAATGGTATTGTTAATGCTAATTAGATTTAAATGTGGC
AAGAATCGCACCACAGTGTCTAAAGGAATGTGCAAACCTATTAAATATACCTGCTAATCAA
CTGTTAATAGAGCCGCCACGATTACAAAGTGTGGCAGCAGCAATATATTGGTTTCGAGCA
GGAATATCTAATGCCAGTGTAGTAACCGGGGAAACACCCGAATGGATACAAAGACAAACA
ATTGTAGAACATTGCTTTGCAGATACACAGTTTAATTTAACAGAAATGGTGCAATGGGCA
TATGATAATGATTTAACCGAAGATAGTGACATTGCATATGAATATGCCCAACGTGCTGAC
ACAGATAGTAATGCAGCTGCATTTTTTAAAAAGCAACTGTGAGGCAAAATATGTAAAAGAT
TGTGGAATTATGTGTAGACACTATAAAAAAGCACAAATGAAACGTATGTCAATGCCACAG
TGGATTAAACATAGAAGTGAAAGAACTGGCGATAATGGTGATTGGAGACCTATAGTAAAA
TTTATTAGATATCAAGGAATAGATTTTTTAAACATTTATGTCTGCATTCAAAAAATTTTTG
CATAATATACCAAAGAAAAGCTGTTTAGTATTAATTGGTCCGCCAAATACAGGAAAATCA
CAGTTTGGAAATGAGTTTAGTAAAGTTTTTAGCAGGAACAGTAATTTCCCTTTGTAAATTCA
CACAGCCATTTTGGTTGCAGCCATTAGACAGTGCAAAAATAGCAATGCTAGATGATGCA
ACACCTCCATGTTGGACATACTTAGATACATATTTAAGAAATTTACTAGATGGCAATCCA
TGCAGTATTGATAGAAAGCATAAAGCATTAACAGTTGTTAAATGTCCACCATTAAATAATA
ACATCAAATACAGATATTAGAACAGAAGACAGATGGAAATACTTATATAGTAGAATTAGT
TTGTTTGAATTTCCAAACCCATTTCCATTAGATAAAAATGGAAATCCTGTATATGTGTTA
AATGATGAAAATTGGAAATCATTTTTTCAAAGGTTGTGGTCCAGCTTAGAATTTCAAGAA
TCAGAGGACGAGGAAGAAAATGGAGACACTGGCCAAACGTTTAGATGCGTGCCAGGAACA
GTTGTTAGAACTGTATGAGGAAGATAGTAAACATTTAGAAAAACATGTGCAGCACTGGAA
GTGTTTACGCATAGAAGCAGCCTTATTATTAAAGGCTCGTGAAATGGGCTATGCACAAGT
AGGACATCAAATAGTGCCAGCACTGGAAAATATCCAGGGCCAAGGCCACGTTGCAATTGA
AATTCAATTGGCGTTAGAGACATTATTGCAGTCCACATTTGGTACAGAACCATGGACATT
GCAAGAGACAAGTTATGAAATGTGGCATGCGGAGCCCCAAAAGTGTTAAAAAAAACAGGG
ACGCACTGTGGAGGTTGTATTGATGGAAAATCCTGAGAATGCAATGCATTATACAGCATG
GACATTTATATACGTGCAAACACTAGATGGCACATGGTGTAAAGTATACGGACACGTATG

CTATGCAGGACTATACTACATTGTGGACAACATGAAACAGTTTTATTGTAACTTTAAAAA
TGAGGCCAAAAAATATGGGGTAACCGGACAATGGGAGGTACATGATGGCACTCAGGTGAT
TGTTTTCTCCTGCATCCATATCTAGCACCACAACCACCGAAGCAGAGGTATCCTCTTCTGG
ACTTACTGAATTGGGTACAAACCACCGACCTATACAACACCACACCTACACCCACAACCAT
CACAAGGAGTAAC TGCGACCCAGACGGCAGACGGAATATTATACAAAGACCCACCCC
GACCACCCCGCCGCGAAAACGATACCGACAGTCTTTGCAGCCACCAACAAAGCACCTGCA
GCACTACGGCGTCACAAACGTACCCGTGGACCCCGGATCGCAAAGGGTCACATCTGACAA
TAACAATAACCAGCGACGGAACCCGTGTGGAAATCAGACTACGCCAGTAATACACTTACA
AGGTGATCCTAATTGCCTAAAGTGTTTAAGGTGGAGGTTAAAGAAAAAATTGTTCTCACTT
ATTTACTCAAGTGTCATCCACATGGCACCTGACAGAAAAAGACTATACACGTGACTCAAA
GGATGGTATAATAACAATTCATTATTATAATGAGGAACAACGAGATAAGTTTTTAAGTAC
TGTA AAACTTCCTCCTGGTATTAATCCTTGCAATTGGGTACATGTCAATGTTACAATTTAT
GTAGTGTGTACATATGTACAAACATATATAGGGGAACATTACTGTGAGTCCACTATTGTG
TGGGACAACCGGCCAGACACTGCTGCTATTATTGTTTTATAGTTGTTGCTGCGTGTGTGTT
GTGTGTGTGGATTAGTTTAATAGACCCCCCATATCCCTTGTGGGCCTCCTGTCTTGCTAG
CTATCTAATATTAGTACTATTGTCTGGTGCAGCTACTAACATCTGTGCAATTTTTTTTT
TTTAGCTTTGCTTGTTGTTGTGTTTCTGCCTTTTTACTAACCCTATTAATACACTTTGC
ACTACATTAATGTAGAAGGTGTACATACAATAGTATAGCTGTGTGTGTGTTGTTGTCATG
GTATACACAATAATTGTACATACGTGATAATATGGGTACATTGTACTTTAGAAAATGGCGA
TGTGTGGCTGCTGCTGTGGTTTTTAGCCACAGTGTGTTTATTTGTATATTAGTACTGTTGTT
AAACTACTGCAGACATACGTGTGTACATTGCTGTAAATAAAGTTGGGTTTTTGTATTGTT
TGTACCAAAGTGATTATCAATGCCACCACACCGAAGTCGCAGACGCAAACGGGCATCTG
CTACACAGTTATATCAAACATGTAAGGCCTCTGGGACATGCCACCCCGATGTAATTCCTA
AGATTGAAGGTCGCACGTGGGCAGATCAAAATATTAATAAGGGGCAGCACTGGTGTGTTTT
TTGGGGGCCCTTGGCATAGGTACCGGTGCTGGGTGAGGTGGGCGCACAGGGTATGTGCCTA
TAGGAACACGACCGCCTGTTGTTGCAGAGCCGGGCCCTGCAATACGTCTCCAGTGGGTTG
TTGACACTATTGGGCCTACTGACCCATCTGTAATTTCTTATTGGAAGAGTCTGCAGTTA
TTGATTCTAGCATACCAGTGCCTACCGACACGTCTCATGGTGGGTTTAATATTACGTCCT
CTGCAAGTGCCCCGTCCTCTACACCTGCTGTATTGGACATTTCTCCTCCCACCAATACTA
TAAGGGTTGCATCTACTACGTCCCACAATCCAGTATACAGTGATCCTTTTACTTTACGGC
CTTCTTTGCCAGTAGAGGGTAATGGTAGACTCTTAACATCCCACCCAACAATAGCCCCCTC
ATTCGTATGAGGAAATTCCTATGGACACTTTTGTGGTATCCACAGATACAAGTAATACTG
TTACCAGTACCCCTATTCTGGACCTCGCCCTACTATGCGCCTTGGTTTATATACCAGGG
TCACTCAACAACGTCCAGTTGCTACTACAACATTTTTTAACATCTCCCGAGCGTTTGGTAA
CCTATGACAACCCCTGCATATGAGGGTCCTGCTGAGGGTACGTTGGAATTTGAACATCCCA
CCATTTCATGAGGCTCCTGATTCTGATTTTATGGATATTATTGCATTACACCGTCCTGTGC
TATCTGCTAGGCAGGGCACTGTCCGTGTCAGTGCTATTGGGCAACGGGCTTCCTTGCAAA
CACGTAGTGGGGCTCGTATTGGGTCTAGGGTACATTTTTTCCATGATATTAGCCCAATCA
CTAGGCCATCAGAGGCTATAGAATTGCAACCTTTAGGCTCCTCCTCCACAGCTGTATCTA
CTACTGCTTCATCCGCAATTAATGATGGCCTGTTTGATGTTTATGTTGACCCTGACATAC
CTCCCTCACACGCGTTACCGCCCCCTACGGTCCCCCACACACGTGTCAACTGTTTCTTTAA
CTAGTCTTGGTAGTGTTTCCTGCACAACTGCAAATACAACGTGTCCCTCTTTCCCTTACCTA
CAAATATTAATGTAGGCCCTGACCTTTCACCTCCTGAGTCTCCGCCCTTTATTAGTACAC
GTCCTGTATCACCTTCTTTTGACTCTGTTATGGTATTAGGATGGGATTTTATATTGCATC
CCAGTTATATGTGGCGTAAGCGCCGTAAACCTGTACCATATTTTTTTTGCAGATGTCCGTG
TGGCGGCCTAGTGACAACAAGGTTTATCTGCCCTCCTCCTGTTTCCAAGGTGGTCAGC
ACAGATGAATATGTGCAACGTACCAACTACTTTTATCATGCCAGCAGTTCTAGGCTTTTG
GCTGTTGGGCATCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAG
GTGTCTGGAGTTGCAGTATAGAGTATTTAGGGTTAGGCTTCCAGACCCTAATAAAATTTACA
TTACCTGAAACAACTTATATAATCCTGAAACACAACGTATGGTGTGGGCCTGTGTGGGT
TTGGAGGTTGGCCGTGGACAGCCTTTAGGTGTTGGTCTTAGTGGGCATCCTTTATTAAAT
AGATTGGATGATACTGAAAATGGGCCTAGATATGCTGCAGGGCCTGGAAC TGATAATAGA
GAAAATGTATCTATGGATTGTAAACAAACCCAATTGTGTTTGGTGGGTTGTAAACCTGCC
ATTGGCGAGCATTGGGGTAAGGGTGCTGCTTGCTCTGCACAATCAAATGGCGACTGCCCA
CCTTTGGAATTACAAAACAGTGTTATTCAGGATGGTGATATGGCAGATGTAGGGTTTGGAA

GCAATGGACTTTAGTGCTTTGCAAACCTCAAAAGCTGAGGTGCCATTAGATATTATGAAC
TCCATTAGTAAATATCCTGACTATTTAAAAATGTCTGCAGAGGCCTATGGCGACAATATG
TTTTTCTTTTGAGACGGGAACAAATGTTTGTTCGTCACCTGTTTAATAGGGCAGGAACC
CTTGGTGAACCTGTTCCCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGGCAGA
AATAATTTAGCTAGTAGTATTTATTATCCAACCTCCAGTGGTTCTATGGTCACCTCTGAT
GCACAAATATTTAATAAACCATATTGGTTACAGCAGGCACAAGGCCACAATAATGGTATA
TGTTGGGGTAATCAAGTGTTCCTAACTGTTGTGGATACTACCCGTAGTACTAACATGACT
GTGTGTGCTACTGTAACAACCTGAAGACACATACAAGTCTACTAACTTTAAGGAATATCTA
CGCCATGCAGAGGAATATGATATACAGTTTATATTTCAATTGTGCAAAATTACATTATCT
GTAGAGGTTATGTCATATATCCACACCATGAATCCTGACATACTAGACGATTGGAATGTT
GGTGTAGCTCCACCGCCCTCTGGTACTTTAGAAGATAGTTATAGATTTGTGCAGTCTCAG
GCCATACGATGTCAAGCTAAGGTAACAGCACCTGAAAAAAGGATCCTTTTTCTGACTAT
TCATTTTGGGAAGTAAATTTATCTGAAAAGTTTCTAGTGATTTAGATCAGTTTCCATTG
GGTAGGAAGTTTTTACTGCAAGCTGGGTACGTGCAAGACCTAAACTTACAGCAGTAAAA
CGAACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTCTCCTGCAAAACGCAGAAAAACACGTAAA
TAATATTTTTTCCGTGTGTGTATGTGTTGTGCAACTTGTGTGTGGTGTGCATGTATTGTGT
ATATGTGTGTTTCGGTGTGCATATTAATAAAGTATGATTGTGTTTCATTGTATGTTGTTGT
ACCACCATTTTATTTTTCAATCCTCCATTTTAGTACATGCAACCGAAATCGGTTGCCGTT
GGCAATGTCCATTAAATTTAGCAAGCACATGCAGTTTTTACTGCCAAATATATGTACTG
CCAAATGGTATTGCTAAGTAGCAAAATGTTTTTACATACATAACATACACGCCCTTTTGC
ACAAGCATGTTTTAGAAAGGTTGGCATAGCTTTTGCAATTTACTTATTTCTTCTCCTTTG
TTCATGTTATGACTACTGTATTTGTTATGTATAATTAATAATGCTTTTAGGCACATATTTG
TGGGTTTTTGGCACAGTACTTTACAAGTTACTCTGGCCTAGACAAGACTAGTGCTTTGTCA
TGCCTTATATAACTAAGTATTAGTCACTGACTGCATCTAATTAAACTGTCAACCGAAATC
GGTGCATAAAATCCTAACTTGTTCTGTTGTTATTATAAAGTA

>gi|9626605|ref|NC_001458.1|_Human_papillomavirus_type_63,_complete_genome

GTTAACAACATATCAGGCGATTCTCTAGTTCTAACACGAACGTTTACGGTCGTTGCCAGCT
TTTTCTTATAAACTCTGGTGGGAATTTCTCTTGGGACAGATGGACCTGACATCTGTAC
ATTCGGTTCGGGATCTGAGTTCTGCTCTCCGTATCCCATTTATTGATTTGGTTGTTCCCTT
GCAATTTTTGCTTGAAATTTCTTACAAATGCTGAAAAATTGCTGTTTGATTATTTTGACT
TGCATCTTATCTGGCGAGATAATTTTCGTGTTTGCTTGTGTCAGTGCTGTGCTAGGCATG
TTAGTCTGCTTGAGTTTATGCTTTATTATCAGGAGTCTTTCGAGGTATCTGAAGTAGAAG
AATTACTTAATCAACCTCTTGTAATATTTGGTTTAAGGTGTGTTACATGCACAAAAAAC
TGACTGTTTCAGAAAAGTTAGCTGTTGTTTCTGCTGGAGAAAGAGTTCATAAAGTAAGGA
ACAAATTCAAAGCAAAGTGCAGTTTGTGCAGACTCTACATTATATAGTTTGTGCAGACTC
TATATAATTAACAATGGTGGGAGAGCAGCCAAATATAGGTGATTTGGTGAGTCAAGAAGA
ACCAAGCGTCCTAGATCTAAATTGTTATGAGGATATACCTGCTGAGGAGGAGGAGTCTGA
ATATCCATATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTG
CGTTTTCTGACCTGTCTACTCTTACGCGTCTGGAGGAGCTGCTGTTAGGCTCACTGAGGAT
CGTGTGTCCCTGTGTGCCATTTCGACACCAACGACACTAAGATGACCGACAGAGGTACAA
ATAATGATGATTGGTATATTGTGGATGAGGCAGAATGTCTGGGATGATGATGAGAGCGAAT
TGGAGGATTTGGAGGACACCTATAATTCATTGTTTAATAGATCTGAAAGTGACATATCAG
ATCTATTAGACGATACGCAGCAAAGTCAGGGAAATTCCTGGAAGTGTCCACTTACAGG
AGCACTTGCAGAACGAGCAGGACCTAAATACCTTAAACGAAAGTACTTAAACAGTCCTC
CGCAGGCAAGTGCCACAGAGACTGCCTGCAATAGCCTCAGTCCCAGATTGGAATCTATAA
CAATTTTCGAGAGGGAAAAAAGGCAAGAAAGCAACTATTTACACAAAAATGACAGTGGCA
TAGAGTTATCGCTATGCCAGGATGAAGTTGACAATATTAACGAAGCGCTTCAGGAGCAGG
TAGACATCGTACAGTCTCTGGGAGGTGGGGTGCGTGACTGTATAGGAGTGGACATTTTGA
AATGCAGTAATACAAGATCTGCTCTACTTGCCAAATTTAAAGACACAGTAGGTGTGAGTT
TTACTGACCTCACCAGAGCATACAAAAACAAGACATGCTGTAGTTACTGGGTCATAG
CAGTGTGGGGAGTAACATCTACGTCTGTGGAGTGTGTAAGTGTGTAATCTCGTAACTAGCAGTTTGA
ATGTGCAAAAGTAATTACATAATGGCTGAACCACCAAAAAATAGAAGTATGGCGGCAGCGT
TATATTGGTATAGGAGATCTATGTCTCCAGCTGTATATACCTGGGGAGAAATGCCAGATT

GGATGGCGCAGCAGACATTGTTGAATCATCAATTAGCATCAGAAAAGCATTTTGAATTGT
CACAAATGGTACAATGGGCTTATGATAATGGCTATACAGATGAAAGTGATATTGCATACT
ATTATGCTATTTTAGCAGAAGAAGATGAAAATGCAAAGCATTCTTGGCTTCTAATGCAC
AAGCAAAATATGTTAAGGACTGTGCTAGAATGGTTAGTCATTACAAAAGGGCAGAAATGA
GTAGTATGTCTATGTCAGCATGGATTTATAAAAGACTGGAGGAAGTTGAAAATGGTGGTG
ACTGGAACATATTGTAAAGTTCTTGAGGTTTCAAGAAGTAGAATTTATAAGTTTCATGA
TAGCATTTAAGGAATTGTTAAGTGGTAAACCAAAGAAAAATTGTCTTGTAATATATGGTC
CACCAATACTGGTAAATCTATGTTTTGTATGAGTTTGTGAGAGTATTTAAAGGAAAAAG
TAATATCTTATGTAAATAGCAAAAGTCAATTTTGGTTGCAACCACTAGCTAGCACTAAAA
TAGCATTATTAGATGATGCAACAAAACCAGCATGGGATTATATTGATTTATTTTGGAGAA
ATGCTTTAGATGGGAATCCTATTTGTGTAGATCTGAAACATAAGGCACCACAACAAATAA
AATGTCTCCACTTATGATAACTTCTAATATAAATGTTAAGGCTGATGTATGTTGGATGT
ATTTACATAGTAGGATAACATGTTTTGAATTTAAACAACCTTTTCCATTTGATGAAAATG
GTCAACCGGCATTTTCTTAAACAGACATCAATTGGAATCTTTTTTTGAAAGGTTTTGGA
GCCAGTTAGACTTAAGTGACCAAGAAGACGAGGAGAGTGATGGAAGCCTCAACAACCGC
TTAGACTGGCTACAAGAGCAGCTTCTAACTCTATATGAGAAAGACAGTAAAGATATTGAA
GATCAGATAATGCAGTGGAATCTACTTAGACAGGAACAAGTGTTATTCCACTATGCCCGA
AAAAAGGGAATAATGCGACTTGGCCTGCAAGTTGTGCCTTCCCTTGCAGCTTCCCAGGAT
AAAGCAAAAACAGCTATAGAAATGACTCTTTATCTTAGTGGCCTCAGAGACTCACAATAT
GGTCTGAACAGTGGTCTTTACAAGATACTAGCAGAGAAATCTTTTTTAGCACCACCAGAT
CATACATTCAAAAAGGGAGGGCAACAATGTAGGTAATCTATGATGAGGATCCCAATAAT
AGCACCAGACATACTGTATGGCGCCATATATATTATCAAAACGGTGATAACAGATGGAGA
AAAGCAGCTAGTGATGTAGATGTTTCATGGTGTGTTTTATTTAGAATATGATGGTGTCAAA
AACTACTATGTTGACTTTCAAGAAGAGGCCAATCGATATAGCAAAACAGGTCGATATACT
GTTCAATATGAGGGTAAAAGGTTTCAAAAATGTTATGTCTCCTGTCAATAGCTCCCCACTA
CGGACTTCTGGGTCTCCTACAGACACCAACCCAGCCACCCAAGGACAATCCACCCAACT
GCCAGAAAAGCAGAGACGAAGGGGTGAGACACCACCCGAAATCGCCGGCTGTTTCGCAAG
CGACGGCCCTACGGACGAAGAAGGTCCAGAAGTCCCAGAGATACCACCTCAGACGAGGA
GAAGGAGAATCGGCCAGAGCCTCTGCCGGTAGTGGAGAACGGGTGGCATTCAATTTCTCCG
GGAGACGTTGGAACATCAACTAGGTGCCTCCAAAGGGAGGTCAATCAAGACTTCGAAGA
CTTATACAGGAGGCTCGGGATCCACCCATAATTTGTCTGAAGGGGGGCCCTAATCAACTT
AAGTGCTTAAGGTATAGGATTAAAGCTTCAAATTCATCTGACTTTGAAAGTATCAGTACT
ACATGGCATTGGGTACATAATAAATGCACAGATAGAGTAGGTCATGCACGTATGCTGGTG
CGTTTTTATATCAACAGAACAACGTGACCGATTTTTTAGATAAGGTGGTGGTGCCTAAATCT
GTTTCTGTTATTTTAGGGGCATTTGACGGTTCCCTAAGGGTGGGTGTTGGGGTATATTTTG
TAATCATGTTAAGAGTACGTAAACGACGAGCTGCTCCACAAGATATTTATCCTGCTTGTA
AGGTTGCAAACAATTGCCCCCTGATATACAAAATAAAATTGAACAAACAACAGTTGCTG
ACAAGATTTTACAATATGGGAGTTTGGGAATATTCCTGGGAGGTTTGGGTATTGGTACTG
GCAAGGGTGGGGGTGGCCGGTATGGTTATACACCTCTAGGGGACAGTGGTGCGGTGCGAG
TTGGTGGCAGAAGTACACCTGTAAGACCAACAGTACCTGTGGAGACTGTAGGACCAAGGG
ATATATTACCTATAGATTCAATTGGATCCTTTAGGGCCCTCAGTCATTGAACTAGAAGATA
TTCCAGCCACAACAGTGGAAGTAGTGGCTGAAGTGCATCCCATATCTGATACTCCACAAA
TACCGGCACCTACTACTGATGAATCTAGTTCAGCTGTTCTTCATATTCACAAAGAAAGTC
CTGCTGCACGTACAATCACACGTTCCCAATACAATAATCCTTTATTTCAGGATCACAGCTA
GTGCAGACATAGCATCAGGTGAAGCTTCAGCATCTGATAATATTTTTATAGATGTAGATA
CGCCGGGTCAAATAGTAGGACAAGAAATACCACTAGTTAATTTTGATATGGGACCTATAT
CTACTGAAGGTGAGCTTGAAGCTGAGTTCACAACCTAGTACACCAAGAACCACACAAGTAC
AGGAAAGGCCTACACGTTCTATAATAGACGCTATTATGAACAAGTGCCAGTTACTGCAC
CTGAATTTATCACAAGGCTGCTTCCTTAGTTACTTTTTGAGAATCCTGCATTTGAAAGGA
GTGATGCTTTGATTTTTGAACAAGATTTTAGAAGATATTTTAAATGCTCCTGATCAGGATT
TTAGAGACATTGTTTATTTAAGCAGACCAACATACAGTCGTGCCCTGATGGCCGCATGC
GCCTAAGCCGCTGGGACGCAGAGCCACTATAAGTACCAGAAGTGGTGTACTATAGGTG
CTCAATCACACTTTTTATATGGATATTAGCTCTATCTCCTCAAATGATGGCATTGAGTTAC
AAACACTGGGTGAAGCTTCTGGCGAGACTGTGGTGCAAAGTTCTCTTGCTGCATCGGATC
CTATTGAAGCAGAACATTCATTCATTGAACCAGCACCATCTATAGATAGTTATGATATTG

TTTCACTTCAGTCTGAGACTTATTCAGATGAACATTTGTTAGATATGTATGAACCTGTAG
GTTCTTCCTTGCAATTACAAATATCAGACGTCAGAGGTCGGCCAACTGTTATTGATATTC
CCTTTAGACCCCGCAGGCCTCCATTAGGTCTATAAATGCTGGTGTGATATCTATAGTC
CAACTGCTAGTGTGGATCACCTACTATAAATCCTACTGATCTTGACATTCATTAAATTA
TTATACATTTAGATAAATCAACAGGGGATTATGATTTACATCCAAGTTTGCGTAAACGTC
GCAAAATTAGTTCATATTTGATATTTTACAGATGGCTGTTTGGCTTCCTGCCCAGAATAAG
TTTTACCTTCCTACCCAACCGATCACCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGTCTCGC
ACCAACATCTTCTATCACGCTACCAAGTGATCGACTGCTCATTGTGGGACACCCGCTCTAT
GAGGTTACCCGTGCAAATGATAACACTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCCAAATCAGTAT
AGAGTCTTTTCGTGTTAGATTTCCAGATCCTAACCGATTTGCCTTTGGAGATAAGGATATT
TTTGACCCAGAACTGAGAGACTAGTTTGGGGTCTTAGAGGCATAGAAAATCGGTAGGGGT
CAACCATTAGGTGTGGGTATTTTCAGGCAATCCATTATTAAATAGGTTTGATGATGCTGAA
AATCCTAGCAGATATAATAATACACATGCAACTGGTGATAATAGGCAAAATGTTGCTTTT
GATGCAAAACAAACCCAAATGTTTCTAATTGGCTGTACACCAGCCACTGGGGAACACTGG
TCAATAGCTCGACGCTGTGCAGGAACACAGTTTCAGCTTGGAGATTGTCCTCCTATAGAA
TTAGTTAACACAGTTATTGAGGATGGTGATATGTTTGACATAGGTCTAGGTGCTATGGAC
TTTGGTTCCTTGCAAGCAAACAAAGCAGATGCTCCTTTGGATATTGCAGGCACTGTCTGC
AAATATCCAGATTATATTTAAATGGGACAGGAAGTACATGGTAATTCTCTGTTTTTCTTT
GCTCGCAGAGAACAAATGATTATTTAAGGCATGTATTTACACATCGTGGAATTGTTAGTGAA
AAGAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATGCTGCTAAAGCCGAGCAACCCCAAATACT
ATTGCTACAGATAAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTTTAGTGTCTCTGATGTGCAA
ATTTTTAATAGGCCCTATTGGTTACAACGTTCTCAAGGACAGAACAATGGTATCTGTTGG
AGAAATGAGTTATTTGTAAGTGTAGCTGATAATACCAGAGGAACACGATGAATATAAAT
GTTCTTAAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATACTCGC
CATGTGGAGGAATATGAGTTATCCTTTATAGTTTCAGCTTTGTAAGGTAAAACCTAACACCT
GAAAATTTAGCATTTTTTGCTAATATGGATCCAACAATTATCGATTCCCTGGCAGTTAACA
GTTTCTCAACCTCCTGCAATGCTATAGAGGACAAGTATAGATTTATTGAATCATTAGCA
ACAAAATGTCCTGATAACGTGCCCCCACCCTCCTACTGATCCTTACAAAGATTTACGT
TTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGATCAATTCCTTTAGGC
CGCAAATTTTTGTATCAAAGTGGTCTTGACACAGCGTTCTGTTCCAAAACTGTGAATTTT
AGAAAACGTAGATCCTCCAATACTACTGTGGCCAAACGGAGGCGACGGGCTGAATATAC
ATGTGAATGTTGAATTATATAATGTGAATTGTGAATTCCTTGACTTTGGCACTTGCACTTT
ATTCTTTGGCATACTGATACTTGAACTTGTTCATGCTTGAAGTTACACACCTGTACAG
TATTGTTAATAAACGTTTATGCTGCTGTCAATTTACCTGTCTTCGAGTCATTATTGCCTAG
TCATATAGCCTCATGACTTGGCATGCAATTGGTATGTGGCAGATACTTCAAACAGGATAC
TGGTATCCTTTTTGGCGCGCGCGCAATTTTGAAGTTACCACTGTTCCAACCTGTTCTGA
GACGTCTGGATCTGATCCCGACCGCTGTGCTTACTGCCAAAGACGAAAGTGGTAGGCGCG
AACCGTTTGTGGTTTCCCTGGGGCTAGCAGAACTCTTTAGGTTGCGACCGTTTTCGGTC
GGGCCAATAATCTCTTTCGATCGTTGTT

>gi|9626041|ref|NC_001354.1|_Human_papillomavirus_type_41,_complete_genome

ACAATCATAATCATCGCCCTTTCGTGTTATTTCTTGTAACGAATTCGTTACAAAACACAC
ACACAGTATATAAGATAGAGGAACGGATTGGTACACCACAGATGGCATCAACAAGCGGTG
TGGGATCCGTCGGGCCTGCAAGCTGTTGCGAGACGCAGAAGCCACATACCATACGGGAGT
TGTGTTTGGCGCAGCAGATAACTTATCCATGCATACAGCTCTGCTGCCATTATTGCTATA
AGATCCTTAGCGTATTGGATATTTACGCTTTCGACCAGAGCTGTCTGTACTTATCCTGGG
GAGAAGGGGGGCCAACGGGTATTTGTTCTCAGTGTACTAGAGTGCTTGCAAGGCTGGAGT
TCACTGCACGGCACGAAGTGTCTTGTGCAGCCAGCCGTCTGCCGCACTTTATAGGACAGA
GCCTCAGCGACCTTGAGGTGAGGTGTGTGAGGTGCCTAGCTCTTCTACAATCTGTGGAAA
AGGATTACATATTGCGGGAAGACTTGTCTGTGCATAGAATTGGCGGGATCTGGAGGGGAA
CTTGTTGTTTCGATGTATGGTAGGACTGTATTAGCTGTGAGACTAATATACTGTTTGCTGTA
TTGTATTGCTGTAATCGTGCGTAAATTGCTATACCTGTAATAATGAGAGGGAATAGTGT
TGACCTGCAAGAAATTGTGCTTGTTCAGCAGGGGGAGGTACCTGAGAATGCTGCAGTGCA
TTCAGGGGAGCATTCCTGATGATGAGGGTGAGAGCGAGGAGGAGGAGCGGGAACAGGTGCA
GCAAGTCCCCACACCAGGAGAACATTATACCTGGTAGAGAGTCAGTGTCCATTTTGCCA
GGCTATCATACGATTTGTATGCGTAGCAAGCAACACTGGGATACGGAATCTACAGGCACT

CCTGGTCAACAGTCACCTTGACCTCGCTTGTACGCCTGTGTGCGAGCAGAATGGCGTCCA
GGGTCTCAGACACCGGCAATGGCAATGAAAACAAAGAGAATGAAGGTACAGTGGCATCTG
ATCATTCTGAGGCGCGTTGTAGCTATATATTATTTGAGGCTGAATGTAGCGATGGCGGGG
ACGATGAGGAAAAGTATGGAGGATAGCTTGGTGGAAGACCTTGTGGATGATGCTTCTGTGC
ATCAGGGAAATTCCTTGTGCTGCTTTTCATGCCCAAACCTGTGCGAGGAATACGAGGGAGAGA
TCCAGAGCCTAAAACGAAAGTTTATCCTGAGTCCCCTTGCATAGGGATGTGGCAGAACTAA
GCCCCGCTCTGGCGGGTGTTCCTGGAAGAAAACCGTGGGAAAAAGGCTCGCAAATCTC
TGTTCCACGATGACAGTGGCATAGACAGCAGCGCAGTGGAAGTCTCCCAGCTATCTAGTA
CGCCATCAGCTCCAGGGCCAGACATCCGGCTGCCTAAACCCTCAGATATAGATCTAGAGC
CACTGTTCCAAAGCCGCCAGCGCTGTACGCATATGTATAGCAAATTTAAAGCTGTGTACG
GGGTAGCTTTACAGATATAACCAGGCCATTCAAAGCGACAAAACAACATCACAGCATT
GGGTGTGGCCGCTACTATTTAGCTTTTGATAGTGAGATAAGTGCTATGGAGGTTTTGC
TGCGACAACAATGCCAATTTTTATACATTGACAACAATGATGGCATTATACTGTTCTTCC
TGGAATACAACGTGCAGAAATCTAGGACTACAGTGTACAATTGGTTTACAGCCAATTTCC
ATTATAATGAAAATAGAATGCTAGCTAATCCGCCAAGGACACGAAACATGCCTGCTGCTT
TATTCTTCTATCATAGATTTATGGGTACAGGGGGTATAAAACATGGCGCAATGCCAGAAA
TAATTGTAAACCAAGTGCCTGGTGTCTAATCAGCAGACAGACACCTTTGAATTATCACGTA
TGGTACAGTGGGCACTGGACAACGATCTGCAAGATGAACATATGTTAGCTTTAGAGTATG
CTTTGCTTGCTGAAAGTGATGGCAATGGCGCGGGCTTTTTTAAAGCAGAAATAATCAGCCAA
TGATAGTGGAAGAATTGTAGCATAATGGTTAGACACTACAAGACAGCGCTGGTCGCAAAAA
TGTCTATTTACAGTATGTGAATAAGCGGTGTCTGGACCATGGGGAAGCTGATGAAAACA
GCTGGCGGGGAATTGTGCATTTTCTGAGGTATCAAGGTCAGGAATTCCTGCCCTTCATGT
GTAAAATGCACAATTTCTACACCATAGACCAAAGAAATCAACACTTGTATTATGTGGAC
CGTCGGACACAGGCAAATCATATTTTGCCAATGGTCTTAACAAATTTTTGGATGGACACG
TGCTGAGCTTTGTCAGCAATGGGTACATTTTTGGTTATCACCATTACGTGGGGCACGGT
GCTGTCTAATAGACGATGCGACCCTCACGTTTTGGAGGTACGCGGACAAAACATGAGGG
CACTGCTAGATGGATATGAGATTTCCATTGATGCAAAACACAGAAACCAATGCAAACTA
GAGCACCACCATTAATAATAACCACAAATGAGGACATTATGCGATTAGATGAATTCAAAT
ATCTGCAAAACCAGAACAATGTATGTGTACTTTAACAAGCCATTTCTCTTAAAGGAAATG
GGCAACCGTTATATTACATTGATGGTTATACATGGAACCTTTTTTTTAGGAAATTTTGGC
GTCACCTAAATCTAAAAGACCCTGAGGATGAGTCAGATGGAGAGACTCCTGGAACGATTA
GACTATATACAAGAGCAGATACTGACACTATATGAGAAAGATAGTGTGACCTAGAGGAT
CATATAAGGCTATGGAATCTGCTAAGGAGGGAAAATGCAATCTGGTATGTACTCAGACAG
GAAGGACACGCAAGGTCGGCGGCAGAGCGGTGCCGGCAATGACGGTATCGGAAGCCAAT
GCCAAATTCGCAATAGAAATGCAGATAAAGCTAGAATCACTAAAGGCCAGTCCCTATGCG
GCCGAGGGCTGGTCATTGCAAGAAACCACCAAGGAACGGTACTTGGCTGAACCGTCTCGG
ACATTTAAGAAATTAGGGCAGCCAGTTACCTAATGTTTGACAATGATCCCGAAAACCTT
ACAGAAAGTTGTATTGTGGAATGGGTTTATTATATTACACCAACAGATGAATGGTATAAA
GCTAGAGGTGGCATTGATGACACTGGTATATACTACATTGACCACGAGTCTGTTAAAATG
TACTATGTGAGATTTGACATGGAAGCGGAGAACTTTAGCGAGACAGGCACTGTCACCTAC
CGGCTAGGCAGCGCCCTGGTAAATGTACCTGAACCTGTAACCTGTTACCGACAGCTCCTCC
ACGAGGGAGAGAAACCCAAAGGTACTACGACCGCAGGGGTCGAGACGACGCAGAAACGAG
GAAACGGGGGAGCCGGTCGCCCCAGCCCCCTAAGCGAAGACGAGGAGCTTACGGACGCAGA
TCCTCCCCGAAGGCCAACGCAGGACCGCGGCGTCGCCTGTTTCTAGAGGAAACGGAGGA
TCGTCTGACTTCACTTCTGGAGAGTCTGACGAAGGACATCGAGTCAGACATAGAGCACTT
CGAAAGAAAAC TGCGGGTGTGCTCCAGCAGAAGGACACTATCTAGTTGGCGCCAAAGGT
CCAGTGAATAGCTGCGGTGCTTAAGGTACAAATGGAAAAACAAGTATAGCGGTGACATA
ATGTATCTGGGGACTACTTTTACATGGAGGAGTCTGACGGGACAGAACGGTGTGGGTGCG
GGCGCGCTTTTTTGTGCTTTTCTAATGAAACAAAAGAGAAAAGTTCTTCAAATCTGTC
AAGATTCTCTAAAAACATTGGGCTGTTTTCGGCACACGCAGAAAAGCTGTGACCTGTGTAT
CATTAACAATGCTTGCTAGGCAAAGGGTTAAACGCGCTAATCCTGAACAACGTGTATAAG
ACATGCAAAAGCAACGGGGGGCGATTGTCCACCCGATGTTATTAAACGCTATGAGCAAAC
ACACCTGCTGATAGTATATTAAAGTATGGGAGTGTAGGGGTTTTCTTTGGCGGTCTGGGC
ATTGGCACAGGACGTGGTGGCGGTGGCACAGTGCTTGGGGCTGGGGCAGTTGGGGGACGC
CCGTCCATATCCAGTGGTGCAATTGGTCCCCGGGATATTTTGCCAATTGAATCAGGGGGG

CCTTCACTGGCAGAGGAAATACCTCTGCTTCCCATGGCACCCCGTGTGCCAAGGCCTACA
GATCCCTTTCGGCCGTCAGTGCTGGAAGAGCCTTTTATTATAAGGCCTCCTGAACGCCCCA
AACATTTTGCATGAGCAGCGTTTCCCTACAGACGCTGCACCATTTGACAATGGCAACACA
GAAATCACAACCATTTCCTAGCCAATATGATGTTAGTGGGGGAGGGGTTGACATTTCAGATA
ATTGAACCTCCCTAGTGTGAATGACCCCGGTCCCTCGGTTGTTACCCGCACACAATACAAC
AATCCAACGTTTGGAGGTGGAGGTGTCCACTGACATTAGTGGAGAAACCTCATCAACGGAC
AACATTATTGTAGGAGCTGAAAGCGGTGGCACATCCGTAGGTGACAATGCTGAACTGATA
CCTTTTGCTAGATATATCCCGGGGGGACACAATTGACACAACAATACTTGCCCCCTGGCGAG
GAGGAGACTGCCTTTGTGACCAGCACTCCTGAACGTGTGCCTATACAGGAGCGATTACCT
ATTAGGCCCTATGGCAGACAGTATCAGCAAGTGCGAGTTACCGACCCTGAATTTTTTAGAC
AGCGCTGCAGTACTTGTCTCTTTAGAGAATCCAGTGTTTGATGCAGACATTACTCTCACG
TTTGAGGATGATCTGCAGCAGGCACTACGTAGTGACACAGACCTGCGGGACGTGCGTTCGC
CTCAGTAGACCTTATTACCAGAGGCGCACTACTGGCCTTCGTGTTAGTCGCCTGGGGCAA
CGTCGGGGTACTATATCCACGCGCTCTGGTGTTTCAGGTAGGCTCCGCTGCTCATTTTTTTC
CAGGACATTAGTCCAATCGGCCAGGCTATTGAGCCAATTGATGCAATTGAACTAGATGTA
CTGGGTGAGCAATCCGGTGAGGGGACTATTGTGAGAGGAGACCCTACGCCTTCTATTGAG
CAAGACATAGGACTAACCCTTTGGGGGACAACATTGAAAATGAATTGCAGGAAATAGAT
TTATTAACCTGCGGATGGTGAAGAAGACCAGGAGGGCAGAGACCTGCAGTTGGTATTTTTCC
ACTGGCAATGATGAGGTGGTTGATATTATGACTATACCTATACGTGCAGGCGGGGATGAC
AGGCCTTCAGTATTTTATTTTTAGCGATGATGGCACTCACATTGTCTATCTACTAGCACA
ACAGCCACCACCTTCTGCTGCCTGCACAGCCAGCGATGTGCCCTACATTGTTGTTGAC
TTGTATAGTGGAAGTATGGATTATGATATACATCCTAGCCTGTTGCGCAGGAAACGTAAA
AAACGCAAACGTGTTTTATTTTTTCAGATGGCCGTGTGGCTTCCAGGCCCAAATAGATTTTA
CTTACCCCCCTCAACCTATACAACGGACATTGAACACAGAGGAATACGTGAGACGCACCAG
TACTTTTCTCCATGCTGCCACTGACCGTTTGCCTTACTGTTGGACATCCATTTTACAATAT
TACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCCTAAAGTTTCTCTAATCAGTTCAGGGCCTT
CCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTTTAACCC
TGACAAGGAGCGTCTGGTCTGGGGTATTCGTGGGATTGAGGTTTCTAGGGGACAGCCCTT
AGGTATTGGTGTAACAGGGAACCTTTTTTTAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTA
CAATGGTATAAAACAAAATAACATTACTGACCAAGGTTTCAGACTCAAGGTTGAGCATTGC
ATTTGACCTAAGCAAACACAGCTGCTGATAGTAGGTGCTAAACCTGCAAAGGTTGAGTA
CTGGGACGTTGCTGCAACATGTGAAAACCTCCACTGACCAAAGCAGATGACAAATGTCC
TGCTCTAGAGCTTAAGTCCTCATACATTGAGGATGCAGACATGAGTGACATAGGCCTGGG
AAACTTGAATTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATTGTGGA
TTCTATCTGCAAATATCCTGACTACCTGCAAATGATAGAAGAATAATATGGAGACCACAT
GTTTTTCTATGTGCGGCGTGAAGCTCTGTATGCTAGGCATATAATGCAACACGCGGGCAA
GATGGATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAA
ATTAAATTCCCTTGACGCGCACTGATAGGTATTTTCATGACACCCAGCGGCTCCCTGGTAGC
TACTGAGCAGCAGCTGTTTAAACAGGCCCTTTTGGCTGCAGAGATCCCAGGGCCATAACAA
TGGCATACTGTGGCACAACGAGGCCTTTGTAACATTGGTTGACACTACCAGGGGAACATAA
CTTTACCATCAGTGTTCCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATATAACAATTCTAAGTTTTTTGA
GTTTTTAAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGA
CCTTACCCCTGAGAAATTTGGCTTACATACACACAATGGATCCATCCATTATTGAAGACTG
GCATTTAGCTGTCACCTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACT
GTCCATTGCAACTAAATGTCCCTCTAAGGATGCAGATGATACCTCCACTGACCCATACAA
AGATCTTAAGTTTTGGGAGGTTGATCTACGGGATCGTATGACAGAGCAATTGGACCAGAC
TCCCTTGGCAGGAAGTTTTTGTTCAACTGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCG
GGTGTCACGCACTACTGCCCTTACTACCTACAGGCGGCCTACTAAGCGCCGCCGGAA
GGCTTAAACGAATTGCTGGTATTGTGGTGCGGTGTCCTCGACGGTCCATGTGTCTATCTTA
TAATCACTTGGTCAGTCCAGGTTACACCATCCATTATCTATTTACTTCGCATGTATTTTC
TCTGTTATGTTCCCTGTATGGGTTATGAATGTGTTAATAAAATATGTTGGTAACGCTGTGC
ACGGGTTTTGTTACGTTTCATGTCTCATGATTTGGCACCCCTGTATTCCCGCCGCCGCCCG
GGGGATCGCAGATATAATCCCCAAACCCAAAGCGTTCCAACATTGGCAAACGTCTCTGGC
CCCGATACAACCTGAAACGGTCTGTCTTGCCAATAGCCCCATCTGGCGGGGATTCAACTGA
AACGGTGTGACTGCCAAGTAACATTTTTGTTATTGGAACGCCTCCGGTGCTGGCGGAAG

CGCAAGGATTTAGGCGCGAAGACAGTTTTTATTGCCAAAACCTTTTGGTTGCTGCCAATAG
CAGGCGTGGTCTCAACGAATTCGTTGCGGCAATAGGTATGTACCATGGTTATGA
>gi|1491683|emb|X94164.1|_HumanPapillomavirus_type_72_E6,_E7,_E1A,_E1B,_E2,_E4,
_L2,_and_L1_genes
ATTACTAACATAATACATGTAAAAAAGTAAGACAAGACCGAAAACGGTCCGACCGACAT
AGGTACATATATAAGGGAAGTGTGAAGTCTGCAAGTATGCAATGCCTATGGGACTGCACA
ATCCAATAATATTTGGTTGCTGTGCAAGGAAATTGAGGTGGACCTAGAAGATTTACGGA
TTACCTGCATATTTTGCAAAAATGAATTAACAACAGAAGAATTGCTGGCGATTGCAATAA
AGGAGCTGCAGATTGTGTGGCGGGACAAGTGGCCATTTGGAGTCTGCGCACCATGCCTTG
CAAGAGCAACTAAAGTGAGGGAGCTACGATACTGGACGTATTCGGGCTACGGACCCACTG
TGGAACAGGAAACAGGCAATCATTAGCAGAACTATATATAAGGTGCCATGCATGCTGCA
AACCCTAAGCTGTCTAGGAAAAGGAATATCAGGTGCAGACAGGAATCCACTTCCACAAGA
TAAGCGGACTGTGGACGGGAAGGTGCTGCCAGTGTAGAGGGGCATGCACGGCCAGGTGGC
AACCATAAAGGACATTGTCTTCAGGAACTTCTGATGTGGTTGACCTACACTGCAATGA
GCAGTTACTAGACAGCTCAGAGTCAGAGTCAGAGGATGAGAGGGACGGTGTGGTGTGCA
GGAGCAACTTGTAGAACAAGCACAGCAGGCCTACGGGGTGGTTACTACCTGTGGCAGGTG
CTACCGTCCAGTTAGGCTGGTGGTGGAGTGCAGAGACGCAGACGTGAAGGCGCTACAACA
ACTACTGCTGGACAATTTGTCCATAGTGTGTCCTCGCTGCGCATAAAGGGACATGGCCAAC
TGCGAAGGTACTGAACGGGGGGATGGGGACGAGGATGCGAATCGCGCGGGCGGATGGTTT
TTGGTTGAGGCCATAGTGGAGCAAACACAGGGTACCAAGAGTCCAGTGATGAGGACGAA
AACAGTGAGGACAGGGGAGAAGATCTGGTAGACTTTATAGACACAAGATCCTTAGGGGAT
GGGCAGGAAGTGCGTTAGATTTGTTGCTGCAACAAAATGCACGGGATGACGCTGCAACC
GTGCAGGCCCTAAAACGAAAGTATACATGTAGCCCAGCAAGCAGCTCGTGTGTGTCTTTG
GTGGACAGTGAGTTAAGTCCCCGACTGGACGCCATAAGCATAAACCGGGGACACGACAGG
GCTAGAAGAAGGCTGTTTGACCAAGACAGTGGCTATGGCCATACGCAGGTGGATATTGGA
GCACCAGAAAAGCCAGGTATCGGGGGGTACACAGCATACAAAGGGGGGAGGCGGCGCCGTT
CAGGAAGCGGAAGAGGAGCGTGTGGGGGGGGATGGTGAGGCGCAGTGTAAGTGCACAGACA
CAGCAAACGCCAGAGAGAGCAGCAGACGTACTAGAAATATTTAAGGTAGTAATTTGCGT
GTCACATTACTGCATAAATTTAAAGAGCTATTTGGACTAGCATATGGGGATCTGGTAAGA
CAATTTAAAAGCGATAAATCAATATGTGGGGATTGGGTAGTATGTGCATTTGGGGTATAT
CATGCAGTGGCAGAGGCAGTAAAGACGTTAATACAACCCATATGTCTGTATGCACATATA
CAAATACAGACGTGTCAATGGGGGATGGTAATTTTAATGCTGGTGCGGTATAAATGTGGC
AAGAGTAGGGAGACAGTGGCACACAGCATGAGCACGCTGCTAAATATACCTGAAAAGCAA
ATGCTTATTGAACCACCAAAAATTAGAAGTGGACCATGTGCCCTATACTGGTATAGAACA
GCAATGGGAAAATGGCAGCGAGGTGTACGGGGAAACCCAGAATGGATAGTAAGACAAACA
GTAGTGGGGCATGCAATGCAAGAGACACAGTTTAGCCTTTCTACCTTAGTACAGTGGGCA
TATGACAATGACATAACAGATGAGAGCGAGCTAGCATATGACTACGCAATGCTAGGTAAT
GAGGACCCAAAATGCAGCAGCATTTTTTAGCAAGCAACTGCCAGGCAAGTATATTAAGGAT
GCAATTACAATGTGCAACATTATAAACGTGCAGAACAGGCACGAATGTCTATGACACAG
TGGATAGCACATAGGGGGCGCAAGGTGGCAGATTCAGGTGACTGAGAGAAAATAGTAAAAT
ATTTAAGATATCAAAGGGTTGAATTTGTAACATTTATGGGAGCATTAAAGCTATTTTTAA
AAGGGGTACCAAAAAAAGCTGTATGGTATTCATGGGCCAAGTGACACCGGAAAGTCAT
TGTTTTGTATGAGTTTACTTAAGTATTTAGGGGGAGCAGTAATTTTCATATGTAAATTCAG
GAAGCCATTTTGGTTATCACCCTGGTAGACGCCAAAGTAGGGTTGTTAGATGATGCAA
CATACCAGTGCTGGCAATATATAGATACATACCTACGAACAGTGTTAGATGGAAATGCTA
TAAGCATAGATAGAAAACATAGAAATTTAACACAGTTGAAGTGTCCACCACTTATGATAA
CAACAAATATAAATCCATTGGAAGACCAGGCATTTAAATATTTGCACAGTAGAATAGTGT
TGTTTTAAATTTATGCATAAGTGGCCATTAAGCAACGGTGATCCCGTATATACCCATA
ATAATGAAAATTGGAATCGTTTTTCCAAAGGTCCTGGGCACGTATAGAGGGACCTGACG
AACAGGAGGAGGAGGATGAGGATGGAAGCACTAGCCGACCGTTAGATGCGTGCCAG
GAGAAATTGCTAGACCTTTATGAAAAAGATACGACAAGCTTGAGGACCAAAATATTGCAT
TGGCACTATGTGCGTCTGGAACATGCAATGTTATTTAAGGCACGACAAGCAGGACTTACC
CATGTAGGCCACCAGGTGGTACCAACACTTAGTGTTACAAAAGGCAAGCACATCAGGCA
ATTGAAGTGACCTGTCACTGCAAGGGTTGCAAAACAGTGCGTATGCGCAAGAACCATGG
ACATTACAGAACACCTCACTGGAAATGTGGAATGCACACCCACAACGGTGTTGGAAGAAA

AAAGGACGCACAATAACAGTTAAATTTGATTGCGAGGACCTAAAAGCAGTGGAGTATGTG
AGCTGGGGGTGTATTTATGTGCAAAGTACAGAGGACGAACAGTGGTATAAAGTACAAGGA
CATGTGTCATATCATGGGCTATATTATGAATTTTCAGGGTCAGAAACAGTACTATGTAACA
TTTGGACACGAAGCCAGAAAATATGGGGACACAAACACATGGGAGGTACATGTGGGAAGT
ACAGTGATTTATGAACCCTGCGCCTCTGTATCTAGCACCCAGGACACCGTGCGAGAAGTA
CCCCTGTTGAACTGTTGGGCGACTGCCAGACGCCACCAAATCCACCGCCACCGCCACG
TGCGTGGGCCCCGCCAGACATCCTCCTCAGTGCAGACGCCGCCTTGTAAGCGACAGCGA
CTCCACAGAGACGGATTGCAGCAGCAGCCCCGACTCTACGGAAAGAGACATCTGCAGGCAA
CGGCGTGACAGTGCTGACCAGTGGGTCAACCGTGACAGTGACTGCACACAACAAGCAAGG
GACATCTGTAACAGTCACGGTGACCTATAATACATTTAAAAGGTGAACCAAATAAGTTA
AAGTGTTCGGTATAGGCTTCAGCAGTCAGTGCCTAACTTGTTTTTAAAAGCATCCTCT
ACATGGCATTGGGCCTGTGGGGGTGACACAACAAAATGTGCATTTGTAACACTGTGGTAT
GTGGATACTGACCAACGGACACAATTTTTAAGTCGTGTGAACATTCCAAAGGGGATACAA
GCCACTGCTGGCTATATGTCAATGTGTATATAATGTTTGTGCGATGGCAACCAGTGTAT
AGAACCACACCTGCAACATTATGTAAGGCAGAAGCAATCCTGGATATACTTGTGTGTTTG
ATATCTGGGTGGTGTACTGTGCTGTTGCTGCTTATTATTTTCTGGCTTCTCTATCTTTCT
GCACTAAGTGCTTTTTTGGTGTGTGTGTGTGTATATATCTAGGATTGTTTGTATATAT
ATGCAGGTGATGTGGTACATAGGTGACTTATAATCCACCCAGCCATTACATGCTGCTATT
GTGTAAATAGTGTTCCCTTGTGTATCTGTATGTAATATGTATCCTGTTGTAGTGGGCAAT
ACGGATGGGGTGCAATTAATTGTACTACGAGACGATAATTGTGGATTGTGGTCTTCTCTTG
TGTATGTTAATAATCATTTGTAGTGTTGCTATATAGGTTGCTACACTGATCCCTTCCTTTT
GTGTATTCCCACTCCTTTTTATTTTTGTTTTGTTTTGTTTTGTTTTTATTTTTTGC
ATTTTTTATAATAAACATTATCTGCCAAAATGACCCAAGCTGTAAGGCGTCGCAAACGTGC
CTCTGCAACGGACCTGTATCGCACATGCAAACAGGCGGGTACCTGCCCTCCTGATGTTAT
ACCAAAGGTGGAGGGTGACACCCTTGCTGATAGGTTCCCTGAAGTGGGCCAGTTTAGGGGT
GTTCTTTGGTGGGTTAGGCATAGGCACGGGTTCAGGCACCGGTGGGCGCACTGGCTATGT
GCCTATAGGTACTCGCCCTCCCCTGTTGTGGATATAGGCCCTACAACACGCCCCGCTGT
TGTTATTGAGCCCGTGGGGGCGCAGACCCCTCCATAGTCACCCCTGTGGAAGAATCCAG
CGTTGTGGAAGCCGGTGCCACCGTTCCCCTTTACTGGGTCTGGTGGCTTTGAGGTTAC
CACGTCTCACTACTACCCCTGCTGTTTTAGACATTACACCCTCTGGAGCGTCTGTCCA
AGTTAGCAGTAGTAGCTTTACAAATCCCTTATTTACTGAACCGTCCATTATTGAACCTCC
ACAGGCCGGGGACCTTTACAGGCATGTATTCCTAGCAGACACCCACATCTGGGTGCGATAG
CTTTGAGGAAATACCCATGCACACATTTGCAACTCATAGCAGTACTAGCACAGACCCCTT
TAGTAGTACCCCTTTGCCTGGTGTTCGTCGCCTTGACAGCCCCGCTTAGGATTGTATAG
CAAGGCTAATCAACAGGTTAGGGTTACTAACCCCTGCCTTTTTGTCTCGACCCCAGTCTCT
TGTTACTTATGACAACCCTGTGTATGATCCAGAGGAACTATTATTTTTGAGCATCCTAG
TATATATACCCCTCCTGATCCTGACTTTTTTGATATTATTTCTTACATAGGCCTGCCCT
TACAGCCCCGCCAGGGTACAGTACGGGTGACCCGGTTGGGTCAACGTGCTACCTTGCGTAC
ACGTAGTGGCAAACGCATTGGGCGCTCGGGTACACTTTTATCAGGACATTAGCCCCATTTT
ATCTGATACTATTGAAATGCAATCCTTGCCCTCCTCTACGCAGCCAGACATAACATATGA
CATTTATGCTGACCCCTGATTTAGGGGAACCCCCGCCGCGTGCTTCTGTGTCTTCTACATC
ATTGCACAGCCCGTCCCTGTCTGCAGCGTCTGCTGTTTCTGCCAAGTATGACAATGTAAC
AGTTCCCTTGTCCTTAGGGCCACACATCCCTGCCCTCCTCTGGCCCTGACATTGATTTGTC
CTTTGCTCCTGCCCTGTACCTACAATGCCCTCTGTACCTCTACGCATCCACATTCTAT
TTATGTTGAGGGCTTTGATTTTTATTTGTTGCCCTGCATATATCTTTTTTCTTAAACGTCG
TAAACGTGTGCCCTATTCTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTAT
ACCTGCCTCCCAATCCTGTTTCTAAGGTTCTCAGTACTGATCGCTATGTCCAACGCACCA
ACCTCTATTATTATGGTGGCAGTTCTCGTCTACTAAGTGTAGGACATCCTTACTGTGCCA
TACCTCTCAACGGACAGGGCAAAAAAACACCAATTCCTAAGGTTTCGGGGTATCAATACA
GGGTGTTTATAGAGTAAAACCTTCTGATCCCAATAAATTTGCTTTGCCTGATGGCACACTTT
ACAATCCAGATACCTGAACGGCTGGTATGGGCCTGTGCTGGCATTGAGGTTGGTAGGGGCC
AGCCCCCTTGGTGTGGCACTAGCGGTACCCCTTGTATAATCGCTTGGATGACACTGAAA
ACACTTCCTTACTTGTGGCTGACAATTCTGACAGTCGGGACAATGTATCTGTTGACTACA
AACAGACCCAATTGCTTATTATAGGGTGCAAGCCTCCCATTTGGTGAGCATTGGACCAAGG
GCACTCCTTGTGCAGGCTCTAATTCTCAGCCAACCTGACTGCCCCCCTTTAGAATTTACAA

ATTCCACTATACAGGATGGTGACATGGTGGAACAGGCTATGGTGCCATAGATTTTGCTA
CCCTTCAGGAAAATAAATCAGAAGTGCCCTTGGATATTTGCACCACCACCTGCAAATATC
CTGACTATTTGCAAATGGCTGCTGAACCATATGGTGATTGTATGTTTTTTGTCTTCGCA
GGGAACAAATGTTTGCACGCCATTTTTTTAATAGGCAGGGCACAATGGGTGAGGCACTAC
CAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAGGGTGACACCTGGTAGTTATA
TTTATTCTCCCACCCCCAGCGGCTCTATGGTGTCCTCTGATGCACAATTATTTAATAAGC
CCTATTGGCTACAGCGCGCCAGGGTCACAACAATGGCATCTGTTGGTTTAAATGAGCTTT
TTGTGACAGTTGTAGATACTACTCGCAGTACTAATGTAACATTTTGTACTGCCACAGCGT
CCTCTGTATCAGAATATACAGCTTCTAATTTTTCGTGAGTATCTTCGCCACACTGAGGAAT
TTGATTTGCAGTTTATATTTCAACTGTGTAATAATCACTTAACTCCTGAAATTATGGCCT
ACTTGACAATATGAATAAGGCCTTATTGGATGACTGGAATTTTGGTGTGGTGCCTCCTC
CTTCTACCAGTTTGGATGATACCTATAGGTTTTTGCAGTCTCGTGCCATTACCTGTCAA
AGGGGGCTGCCACCCCTCCTCCTAAAGAAGATCCATATGCTAACTTATCCTTTTGGACTG
TGGATTTAAAGGACAAATTTTCCACTGACTTGGATCAGTTTCCTTTAGGGCGCAAGTTTC
TGTTACAGGTTGGTTCTAGGGCTGTTTCAGTGTACGCAAACGTGCTGCCCCACCAAGCT
CTACCTCGACCCCCGCCCTACTAAACGTAAAAAGCGCAAAAAGTAACATGTCATACTGT
TTGTGTGGTGTATGTGTGTATGTGTGCAATGCATGCATGTGTGTTTCTGTTGTTGTTGT
GTGTACATGTTGTACTATGTTATGTTGTTGTATGTTTTTGTATGGCCCCGTGCCCCGT
GTTGTGTATGTATGTGGAATGTGTGTTATGTGTTGTGCATTAATAAAGCGTGTGTCACTGT
GTGTGTGTGTGTCGGTGAACCCGTGTGAGTAAAGTGTGTGTTTGCAGTGTCTACTTCC
TACACTTTGTTTTGTGTACCTTTGTATGCCCTTTACTGTACTCCATTTTATATTTTCTC
CATTTTGTATTTCGCGACCGTTTTTCGGTCTCCCGCCTTTTCGGTCTGGCGCCGTGCCACT
GTACATAGAAAATATGCATTGTGCTTTTCCCTCCACATCCTGTTTCAACAAACCTTATCCA
CATCTGGGTGTGCCTGACAGGTTTCTGGCACATACATTTTCCATAGTTATGTGTTTCCTG
ACTCATTTTACAATAGATATGCTTTTAGGCACATATTTTATGCTGACTACTTCTCCTAA
TTGCTGTTTTGGCTACCTTTCTAGGTGTTGTAGCCAAGTATGTGTCTTGCAACTATGGGC
AAGCCCTTTACAAACGTGTTAAACATTCTACTCCGGTCGCTCCCCTATGTCTCATGGTT
TTATAGTT

>gi|71726694|gb|DQ080080.1|_HumanPapillomavirus_type_97,_complete_genome

ATGGCGCGATTTGAAGATCCAAGCAAACGGCCCTACAAGTTGCCAGACCTGTGCACAGAA
TTGAATACTTCATTACCTGAAATAGAGATAAGCTGTGTATATTGCAAAACAACCTTGGA
CGCACAGAGGTATATGAATTTGCATTTAAGGATTTATTTGTAGTGTATAGAGACTGTATA
GCATATGCTGCATGTACTAAATGTTTAACTTTTTTTCTAAAATTAGAGAATTACGATAT
TATTCACATTCAAGTGTATGGAGATACATTAGAAAAAATTACTAATACTGGATTATACAAT
TTGTTAATAAGGTGTTTGCAGTGCCAGAAACCGTTGAATCCAGCAGACAAATATAAACAT
CTTAAAGACAAACGACGATTCCACCACATATCTGGTTATTATAGAGGCCAGTGCAATTCTG
TGTTACAACCAATCACGGCAAGAAAGGCTTTCCAGACGTAGAGAAACACAAGTATAATAA
TAAGTATGCATGGACCGAAACCAACATTACAAGAAATTATATTGCATTTGCAACCCCAA
ATGAAATAAATTCGGCTGACCTTCAATGTTATGAGCACCTAAGTGACTTAGAGGAAGAAT
ACGATGAAACAGATGATGTTAATCATCGACAACCTACCAGCCCGACGAGCTGAACCACAGC
GTCACACAATTGTGTGTATGTGTTGTAAATGTGAGAGCAGACTTCAGTTTGTGGTAGAAA
GCTCCGCCGACGACCTGCGGTCACTGCAGCAGCTGTTTTTGTAGCACCTGTCTTTGTGT
GTCCTTGGTGTGCAACCCACCAGTAATCTACAATGGAAGATTACAAAGGTACAGACGGGG
AGGGTACGGGATGTAATGGCTGGTTTTATGTACAAGCAATAGTAAACAAAAAACAGGAG
ATATAATATCAGAGGATGAGGATGAAAATGCAACAGACACAGGGTCGGATATGGTAGATT
TTATTGATACACAATTAATATTTGTGAGCAGGCAGAGCTAGAGACAGCACAAGCATTGT
TCCATGCGCAGGAAGTAGACAATGATGCACAGGTGTTGCATGTTTTAAACGAAAGTATG
GAACAGAAAGTAAAGAAAACAGCCCATAGGGGAGCAGCCAGGTGTGGATACAGATTTAA
GTCCACGATTACAAGAAATCATTAATAAGTGGGCAGAAAAAAGCAAAACGACGTCTGT
TTCAGATAGCAGACAGTGGCTATGGCTGTTCTGAAGTGGAAGCGGCAGAGACTCAGGTAA
CCGTAAACACAAATATAAATAGAGAACATGGCGGCAGTTTATGTAGTAGTGGAGTAGTA
GTGGGTGTATGGATGGTAATCATGATAATAGTAATATAGAAAATGAAAATCCACAATTAG
TAATTGCAGAAATTAAGACCTATTAAAGGCAAATAATAAAAAAGCTGCAATGTTAGCTG
TATTTAAAGAAACATATGGGCTATCATTTGCAGATTTAGTAAGAACGTTTAAAGTGATA
AAACAACGTGTACAGATTGGGTTACAGCTATATTTGGAGTAAATCCAACAATTGCAGAAG

GATTTAAAACGTTAATACAGCCATGTACATTATATGCTCACATTCAATGTTTAGACTGTA
AATGGGGAGTATTAATATTAGCATTATTGCGCTATAAATGTGGAAAAAATAGACTAACAG
TTGCAAAAGGATTAAGTACATTATTGCACGTACCTGAAACCTGTATGTTAATTGAACCAC
CAAAGCTGCGAAGTAGCGTTGCAGCATTATATTGGTATAGAACAGGAATATCTAATATTA
GTGAAGTAATAGGAGACACACCTGAGTGGATACAAAGACTTACAATTATACAGCATGGTG
TAGATGATAGTATTTTTTGATTTATCAGAAATGATACAATGGGCATTTGATAACGACTTTA
CAGACGAAAGTGATATAGCATATGAATATGCTCAATTAGCAGATTGCAATAGCAATGCAG
CTGCATTTTTTAAAAAGTAATTGCCAAGCCAAAATATTTAAGAGATTGTGCAGTTATGTGCA
GACATTATAAACGAGCCCCAAAAGCGCCAAAATGAATATGTCACAGTGGATTAAATATAGAT
GTTCAAAAAATAGACGAAGGAGGGGACTGGAGGCCAATAGTACAATTTTTTAAGATTTCAAG
GAATAGAATTTATTACCTTTTTTGGGAGCACTGAAAGCTTTTTTAAAGGGAACACCTAAAA
AAAACGTATAGTAATACATGGACCAGCAAAATACAGGTAAATCATATTTTGGAATGAGCT
TTATACATTTTATACAAGGTGCAATAATATCATTTGTAAATTCAAATAGCCATTTTTTGGT
TAGAACCGTTAGCGGATGCCAAGGTAGCCATGTTGGATGATGCAACAAACACATGTTGGA
CATATTTTGATAACTATATGAGAAATGCTTTAGATGGAAATCCTATAAGTATAGATAGAA
AGCACAAGCCATTACTACAGTTAAAATGTCCGCCTATATTATTAACCTCAAATATTAATC
CAGCTATAGATAACAGATGGCCATATTTAGAAAGTAGAGTGACAGTGTTCATTTCCAA
ATGCAATTTCCATTTGATAAGAATGGTAATCCAGTGTATGAAATAAATGACAAAAATTGGA
AATGTTTTTTTGAAGGACATGGTCCAGATTAGATTTGCAAGAGGAAGATGACGATGCAG
ACACCGAAGGAACACTTTTCGGAACGTTTAAGTGTGTTACAGGACAAAATCCTAGACCAC
TATGAAAAATGACAGTAAAGACATACATAGCCAAATTAATTATTGGCAACTTATACGTTTG
GAAAATGCAATATTCCTTTGCAGCAAGGGAACATGGTATACAGACATTAACCACCAGGTG
GTGCCAGCCTTTAACATTTCAAAAAACAAAGCATATAAAGCAATTGAACTGCAGATGGCC
CTAAAGGGCCTTGCACAAAGTCAGTATAACACAGAGGAATGGACACTGCAAGATACATGC
GAGGAACTGTGGAATACAGAGCCTACACAGTGTTTTTAAAAAAGTGGGCAAACAGTGGAA
GTATATTATGACTGCAACAAAGACAACCTGTATGTCTTATGTAGCATGGAAATGTGTGTAC
TATATGACTGAGGCAGGAACATGGGATAAAACAGAAGCATGTGTAAGTCACTGGGGACTC
TATTATATGAAAGAAGGAATGAAAACATTTTATGTGCAATTTGAACATGAAAGTAAAAAA
TATGGTAACAGTAATAAGTGGGAAGTGCATTTTGGGGCGTTGTAATTGATTGTAATGAC
TCTATGTGCAGTACCAGTGACGAAGTATCCGCTACTCAGATTGTTAGACCACTACAACAC
GCCTCCACGTCCTACACCAAAGCCCCGTCGTTGGGCCCCGCAAAAACCCAAACGCCGGCT
ACTAAACGACCTGGACAGTGTGGACTTCCGGAGCAACACAGTGGACGTGTCACCAACCAC
GTGCACAACCCACTACTCTGTGCAACTACATCTGGAAGCAACAAACGACGGAAGTTGTGT
AGTGGTAACACTACGCCTATAATACACTTAAAAGGTGATAAAAACAGTTTAAAATGTTTG
CGGTATCGATTTAAAAAATATAATCAATACTATAGTTCTATATCATCAACCTGGCATTGG
ACAGATTCTGTAAATAAAAAAGCTGGTATATTAAGTGTATGTATGATAGTGAGCATCAA
CGAACCAAATTTTTGGATAGTGTTCTTATTCCTAACAGTGTACAAATATTGGTGGGATAC
ATGACAATGTAATATGTATATTGTATACAATGTGGTAAACAAATGTTAACATTTGTGTTT
ATATTTTGCTTTTGTGTGTGCCTTTATGTGTGTTGCAGTGTCCCGCTTTTGCAATCTGTT
TATGTTTGTGCGTTTGCATGGCTGTTGGTGTTTTTGTTTATTGTGGTTATAACAACCCCT
GTAAGTGCATTTACAGCATATGTATGTTTTTTTTTATTGCCTATGTTTTTATTACACATA
CATGCTAGATATACATAACATTACTTGTATATACTGTATTGTACAGTATCTTTTGTATTG
CATAGTTTTTTTATACTTGTTTTGTATTATGTTTACTGTTGTAATAAAATATGGTATCCC
ACCGTGCAGCTCGACGCAAACGGGCCTCTGCAACTGATTTATATAAAACATGTAAACAAT
CTGGCACATGTCCGCCTGATGTTATTAACAAAGTAGAAGGTACTACATTGGCAGATAAAA
TTTTACAGTGGTCCAGCCTTGGTATATTTTTGGGTGGTCTTGGGATAGGTACTGGTAGTG
GTACTGGGGGTCGTACAGGTATATTCCTTTAGGTGGGCGTCCTAATACTGTTGTGGATG
TAGGTCCCACTCGTCCCTCTGTAATTATTGAACCTGTAGGCCCTACTGACCCCTTCCATTG
TTACCTTGGTGGAGGAGTCAAGTGTGGTTACATCTGGTGCGCCTGTTCCAACATTTACTG
GCACATCTGGGTTTGAATAACATCTTCTGTACTACTACACCTGCTGTGTTAGACATAA
CACCTACTTCTGGGTCTGTTTCTATTTCTACAACCAATTTTACCAATCCAGCATTTTCAG
ACCCTTCACTTATAGAGGTACCTCAAACCGGGGAGGTATCAGGTAATATATTTGTTGGTA
CACCAACGTCAGGAACACATGGATATGAAGAAATACCTTTGCAAAACATTTGCATCTCATG
GGTCAGGTAATGAACCAATTAGTAGTACCCCATTTGCCTAATATTAGGCGTGTGGCAGGTC
CCCGCCTTTATAGTAAGGCTAATCAACAGGTTCTGTGTCTACTTCACAGTTTTTAAACAC

ATCCCTCCTCTTTAATTACATATGACAACCCTGCCTTTAATCCTATTGACTCTACATTAA
CATTTGAACCTACTAGTAATGTTCCCGATTCTGATTTTATGGACATTATTCGTTTACATA
GACCTGCTTTAACATCCAGGCGTGGTACTGTTAGGTATAGTAGATTAGGTCAAAGGGCAA
CTATGTTTACTCGTAGTGGCAAACAAATAGGTGCTAGGGTACATTTTTATCATGACTTAA
GCCCTATCTCTGCTACAGAAAATATTGAAATGCAGCCTTTAATTTCTGCAACAGACGACA
GCAACTTATTTGATGTTTATGCTGACATTCCCTACTACATCTGACACTAGTGTTACTGCTA
ACACAGCATTTACATACCCTAAATACTATTCTACTGTATCGTCAGTCTCTTCTTATGGTA
ACCTTACTGTTCTTTAACTTCCTCATGGGATGTGCCTGTATATACAGGCCAGATATTG
TATTACCTTCTAGTACTTCTGTATGGCCTTTTATAACACCTACATCTACGTCCACGACAC
ACTATATAGGTATAAATGGTACGCATTACTATTTATGGCCCTTATATTATTTTCTTCCTA
AAAAACGTAAACGTGTTCCCTATTTTTTTGTCAGATGGCTTACTGGCGGCCTAGTGACAGT
ACGTTTATCTGCCACCTCCTTCTGTGTCCAGAGTTGTCAACACTGATGATTATGTGTCT
CGCACAAGCATATTTTATCATGCTGGCAGTTCTAGATTATTAGCTGTAGGCAATCCTTAT
TTTAAAGTTTCTAAAGGTGCAGGTAGTAGGCAAGATGTTCCCAAAGTATCTGCCTACCAA
TATAGAGTGTTTAGGGTAACCTTTGCCAGACCCTAATAAATTTGGGTACCTGACTCTACT
ATTTACAATCCCGAAACACAACGTCTTGTGTGGGCCTGTGTTGGTGTGAAATAGGCCGT
GGACAACCTTTAGGTATTGGCCTAAGTGGCCATCCTTTATATAACAAATTAGATGACACT
GAAAGTTCACATGCTGCTACAGCTGTTGTTACACAGGATGTTAGAGATAATGTATCAGTA
GATTAAACAAACACAGTTATGTATACTAGGTTGTGTACCTGCTATTGGTGAACATTGG
GCTAAAGGTACACCATGTAATCTACTACATACAGCAAGGTGACTGTCCTCCTTTAGAG
CTTAAAAATACAGTGTGAGGATGGCGATATGGTAGATACAGGTTATGGTGCCATGGAC
TTTAGTACATTACAGGATACTAAATGTGAAGTGCCATTAGACATTTGTCAATCTATTTGT
AAATATCCTGATTATTTACAAATGTCTAATGATCCATATGGCGATTCTATGTTTTTTTGT
TTACGGCGTGAACAACCTGTTTGCTAGGCATTTTTTGGAACAGAGCTGGAACAATGGGTGAC
ACTATTCCACAGGAGTTATATATTAAGGAACGGTATGCGTGAAACTCCTGGCAGTTTT
GTATATTCTCCGTCTCCAGTGGCTCTATTATTAACACAGAATCACAGTTGTTTAATAAG
CCATATTGGTTGCATAGGGCCCAGGGCCATAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAATTA
TTTGTTACTGTGGTGGACACAACACGCAGTACTAATTTAACACTGTGTGCTTCTACACAA
AATGGCGTAGCTACCACATATGACCCTACAAAATATAAACAGTATAGTAGACATGTGGAA
GAGTATGATTTACAGTTTATTTTTCAATTGTGTACTATTACTTTATCTGCAGATGTAATG
TCTTATATACATAGTATGAATAGCAGTATTTTGGAAAACCTGGAATTTTGGTGTCCCACCG
CCACCCACTACCAGTTTAGTAGATACATATCGCTTTGTACAGTCTGTTGCTATAACCTGT
CAAAAGGATACTACTCCCGCTGAGAAAAAGGATCCTTATGATAACTTAAAAATTTTGGAA
GTAGATTTAAAAGAAAGGTTTTTCATTAGATTTAGATCAATATCCTCCTGGACGCAAATTT
TTAGTTCAATCTGGATTACGTGCTAGGCCTACCATAGGACCCCGCAAACGTTCTGCCCCG
TCTGCCCCCTACTACTTCCAAACCTGCTAAGCGTTTACGTGTCCGTCGTAAAAAATAGTAT
GTATGTATCTATGTTTATGTTTGTGTATGTATGTATGTGTGCATTTTAGCATGTATGTAT
GTTATTTGTATGTTGTTGTACATCCTTGTATGTGTTATGTGGTATTAAATAAAATATGTT
TGGTAGTTTCTGTATGGTTGCACCCTGGTGAGTAACAAATAGTGTGTTGTGTTTCGTGGTA
TGAGTGTATTAATTTATTTACTTTTATATTTTACATTTTAAAGTACCATCCATTTTATAT
TACAATTCTCCATTTTAATGTGCAACCGTTTTCGGTTGCCCTTGGCTTACCTTTGTACAT
TCTGGCACTGTTGCAAACATTACCTTTGTAGATTCTGGCACTGTTGCAAACATTAATCTT
AAATACATTACTGTACTGGCACTATTGCAAATGTTAATCTCACATACAATAGTCATACAT
ATTTTCCACCTGGCACGTATTTTGGCGCACACTTTGGCGCACCTGGTATTAGTCATTTT
CCTGTCCAGGTGCACTACAACAATTACTTCCACATTTGCATTTACGCCCTCTTTAATAAA
AATGCTTTTAGGCACATAGTTTTGTAGTTTGTACTTGTACTACTTGTATTATTGGCCTG
TGCAACTACTTTTACATCCAACAATCTGTCTACTCTTCTATAAAGTATAAAATGACTCA
GTTATGTATACATAGGTAGTACCAACCGAAAAAGGTTGGGCAGTACAACCCATACTTTTCA
TTAATACTTTTAAACAATAATGTTATATAAAAAATGGGTGTAACCGAAAACGGTTGCAACCG
AAACTGGTGTATATAAAAGACCTGCAAAAATGTGCACTACAGG

>gi|22095322|gb|AF436128.1|_HumanPapillomavirus_-cand89,_complete_genome
ATGCCCGGACCGCATATCCAAAAACATATTTGTGTTGTGCAAGACTGCGACGTGGAT
TTAGAGGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGGAGCTTACAACATCAGAAGTG
CTGTCCTTTGCACTAAAGGAACCTGGATATAGTGTGGAAGTGGCAGCTGCCCCATGGTGTA
TGTGCACCGTGCTTAAGTAGAGCCGCCAAGACACGGGAGCTACGACACTGGAACCTATTC

AGCTACCGGAACCAACAGTAGTGGAGCAGGAGACCAACACACCGTTGGCCAGCTGTATATGAGA
TGCTATATATATGCTGTAAGCCGTTAGGCAGCCAGGAAAAGGACTATATGGTGTATTTTAAAC
GAGCGATTTTCATAAAATATCTGGAGAGTGGACAGGAAAGTGTTCACACTGCAGGGTAATA
TGCACGGCCGCACGCCGACCATCCAGGATATAGTTCTGGAAGAACGTCCAGAACCAATTA
GCCTACAATGTGAGGAAGAAATGCTAGACAGCTCAGATGAGGAAGATGCTAGGGATTGTA
TGCATGAGCAACAGCAACTGGCAGAACGAGCACAGCAGGCCCTTTAGGGTGGTAACTACGT
GTGGTGTGTGCTATCGTGCAGTTAGGTTAGTAGTATTGTCTGACGACGCACATCTAAGAC
ATCTACAACAGCTGCTGCTGAATGACCTGTCCATAGTGTGTCCGGGCTGCGCGTAAGGAC
ATGGCAGACCACGAAGGTACTAACAGTGGGGACGAAAGCGATGCAGCAACACGGGCGGGG
GGGTGGTTTTCTGGTAGAGGCCATAGTGGAGAACACAACAGGGGACCAGGTGTCCAGTGA
GAGGATGAGGATGACACCTGTGTAGATACTGGGGAAGATCTTGTAGACTTTTATAGTAAAT
GAAAGGCACCCGGGGGATGGGCAGGAAGTGCCGTTAGCACTGTATGTGCACCAAAATGCA
CAGGATGACGCTGCAGCAGCATGCAGGCATAAAACGAAAGTTTACCTATAGCCCGGCATCTA
AGTACCGCGTGTCATGGTGTAGATAAGGAATTAAGTCCCCGTTGGATTGCCATAAACCTTA
AACAGGGGCCACGAAAAAGCCAGGCGACGGTTGTTTGAACGGGACAGTGGGTATGGCAAT
ACGCAGGTGGATACGGGAGCATCCGAAAGTGAGGTATTGGGGGACACAGACAACACCGGG
GGGGAGGGCGCTGCGCAGGACGCAGGGGAGGAGGAACGCGGGGGGGGGGATGGGGAAATCA
CAGCCGCTCTGCAAATTTACAACAGACGCAGGAGGGAAACGCAAGGTGTGCTGGAGCTGCTT
AAGGCGAGCAACATAAGGGCCACCATACTGAGTAAGTTTAAGGAACTATTTGGACTATCC
TACTATGACCTTGTAAAGGCAATTTAAAAGTGATAAGTCTACATGTGGGGACTGGGTGTG
TGTGGCTTTGGGGTGTACCATGCAGTGGCGGAAGCTGTAAAACATTGCTACAGCCACAC
TGTGTGTATGCACACATACAGCTGCAAACATGTAATTGGGGCATGGTTGTGCTTGCATTA
GTAAGGTTTTAAATGTGGCAAAAACAGGGAGTCAGTGGCCATTGCATGGCAACACTGTTA
AATATACCTGCAGGACACATGTTAATAGAACCACCAAAAATACGTAGCGGGCCATGTGCA
CTATATTGGTATAGAACAGCAATGGGAAATGCAAGCGAAGTCTTTGGGGAAACACCAGAA
TGGATAGTAAGGCAGACAGTAATAGGGGAGGCAATGAAGGAAACCCAGTTTAGTCTATCA
ACATTAGTACAATGGGCCTATGACAATGATATTACAGATGAAAGTCAGCTAGCATATGAG
TATGCACTATTAGGAAAACGAGGACCCAAATGCAGCAGCCCTTTT'TAGCTAGTAATTGCCAA
GCTAAATATATTAAAGATGCTATAACAATGTGTAAGCATTACAAACGGGCAGAACAGGCA
CGCATGACAATGGCACAATGGATTAAATATAGAGGCAGCAAAGTACCAGACACAGGCGAC
TGGAGACATATAGTAAAAATTTCTAAGATACCAAAATGTGGAATTTATTACATTTATGAGT
GCATTTAAGCACTTCCTAAAGGGCACACCAAAGAAAAGTTGTATGGTGTCTCTATGGGCCA
AGTGACACAGGGAATCCCTGTTTTGTCATGAGTTTATTGCATTAACCTTACCTTGGGGGAGCAGTA
ATTTTCATTTGTAAATTCACAGCCATTTTTGGCTGTCCCCGTTGGTGGATGCCAAAGTA
GGATTGCTAGACGATGCCACAATGCAATGTCTGGACATACATAGATGTATATTTGCGGAGC
ATATTGGATGGTAAACGCAATAAGTATAGATAGAAAACATAGAAACCTAACACAACCTAAAA
TGTCCACCCTTAATGATAACCACCAATGTGGACCCCTTAGCAGATGATACATTAATAATAT
TTAAAAAGTAGAATAGTAGTGTTTAGATTTCTAAACAAATGTCCAATGAACGCAACCGG
GAGCCAGTATATACATTAAATAATGAAACATGGAAATCATTTTTTCAAAGGTCTTGGGCA
CGTTTAGACTTACAACCTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAAAATGGCATCGCTAGC
CGACCGTTTTAGATGCGTGCCAGGAGAGGTTAATAGACCTTTATGAAAAGGATAGCAACAA
GCTACAGGACCAATTATCACATTGGCAGTACGTGCGTCTGGAATATGCTATTTTATATAA
AGCACGCCAAGCAGGACTAACAAAGTGTAGGCCACCAGGTGGTGCCACCACCTTAATGTAAC
CAAAGAAAAGGCCAGTCAGGCCATTACCATACATTTGTTCATTGCAAAGTTTTAAATGCCAG
TGCATATAAAGATGAACCTTGGACACTGCAGCATACATCACTGGACATGTGGAACGCCCC
CCCCAAGGGGTGCTGGAAGAAAAAAGGACATACAGTAACCTGTTAAATACGATGGAGAGGA
CCAAAAGGCCATGGAATATGTTTCTTGGGGTGAAATATACATACAATGTCCAGAAACAGA
CATGTGGTACAAGGTGGCCGGACATGTGAATGCCACAGGGCTATATTACGAGGTGGAGGG
CTGTAGACACTACTATGTGAACCTTTACAAAGGAGGCAAAGCACTATGGGGATACAGGCGC
GTGGGAGGTGCATTGGGGAAGCACTGTTATTTACCATGCATGCGCATCTGTATCTAGTAC
CCAGGACCTTTGTGCGAGAAGTACCCTCTGCTGCAGTTGGTGACCGGTACACCACCCAC
CACACCCTTCCCTGCACCGCAGCGGTGTGGCGACCCAGCAGACCCCAAGCTGCAGAC
GCCGCCTTATAAGTGACAGCAGCATCCACAGAGACGGAGTGCAGCAGCCACCCACGTCAGC
ACAAAAGCACGTTGGACAGTAGCCACAGGGGGCTCCACAGTAACCCTGACGGCACAGAACG
ACTCGGGATCGCGCATTTGTTGTAACACTGCACCTGTAATACACCTACAAGGTGAAGCCAA

CAAAC TAA AATG TTTT TAGAT ATAG ATTA AAGCAA ACAGT ACCTG ACCTAT ACCTAC GTGC
GTCCT CCACAT GGCATT GGGCCT GTGGGG GGGCCACC ACTA AGGCTAC CTTTGT GACACT
GTGGT ATTCTAG TGTGA ACAACGGGCACA ATTTCT TGCACGTGTGC ATATACCAAAGGG
TATACAGGCTATGCAAGGTCATATGTCCATGTTTATGTAACCACCTTACATGTAATATTT
GGTACAGTGTATTGTGTATATACAATGTAAATAATGTTTGTACTGCATAGCTGAGCCTAC
CATAGTCCTGTGCCACATATATTGTACATTGCAATAGTAACCCTGGATATTATACTACGT
CTTATATGTTTGTGGAGTGATATACTTGTGCTGCTTATTTGCTTTTGGCTTTCGCATTTG
CCTGCATTAACAGCTTTCCTTGTGTTGTTGGGTATTGTGTATGTAGGGTTACTACTTCTT
TATGTGCAAGTATTGTGGTATATAGGACTATAACCACACACCAGCCAATACTGCTGCTAC
CTGTATATACATCCCATTTGCTTTTATACACATGTTCCCCGTAGAGGTACGCGGTGCGGGGG
GGGGGTACGACATGGTGGTATTTGACAGACATGATGTTGGGTACTAGGCATATTGTTGT
TACTTATTGCTCTTGTATTAATTTTGTATACATTTCGTTTGCTACTACATTATTGAACAT
GCTTTTATAGTGCATTTCCCATACCTGTATTTGGTACACTGCTATAGGATTGTGTTTTATA
TTTTTATATATACAATAAATACATTGTTGCAATGACCCACCCTGTGCGGCGTCGTAAACG
GGCTTCGGTCACAGACCTGTATCGCACATGTAAGGCCACAGGCACATGTCCCTCTGATGT
TATACCTAAGGTAGAGGGCAATACATTGGCTGACAAAATATTGAAATGGGCCAGTCTTGG
TGTGTTTTTTGGTGGCCTAGGCATTGGCACGTCCCTCTGGCACTGGAGGCCGTACTGGCTA
TGTGCCCTTGGGTACCCGCCCTCCTACTGTTGTGGATGTAGGCCCTACTGCACGCCCGCC
TGTGGTAATTGAACCTGTAGGTGCAGGCGAGCCCTCCATTGTTAACCTTGTGGAGGACTC
TAGCATCTTGTAGTCAGGGGCTGTCTTGCCCAATTTTACAGGCACCGATGGCTTTGAGAT
TACCACCTGCTCCACTACCACCCCTGCCGTGTTGGACATCACCCCTCAGGTGCTACTGT
ACAAGTTAGTAGCACCAGTTATAGCAATCCTGCATTTACGAGCCCTCCATTATTGAGCC
CCCGCAGCATGGCAGTGTCTTGCCCATGTGTTTACTAGTACTCCCACTCGGGGTCCCA
CACATTTGAGGAAATACCTATGAGCACATTTGCCACCTCTGGGGACGTGGACGCTGGTCC
TATAAGCAGTACCCAGTACCTGGCGTACGTAGGATTGCAGGGCCTCGCCTTAACCTATA
TAGTAAGGCCACTCAACAGGTTCTGTATCTGATTCTGCCTTTGTGTCCCGTCCTGCATC
ATTTGTCACATATGATAATCCTGTGTATGATCCTGAGGAACTATTATATTTGAACATCC
TGATTTACATGCACCTCCAGATCCTGATTTTCTGGATGTTGTGGCCTTACATCGCCCTGC
CCTTACGTCTCGCAAAGGCACTGTACGTTTGTAGTCGTGTAGGACAGCGTGCTACCTTAAA
AACACGTAGTGGCAAACAATAGGGGCGGGGTACACTTTTACCATGATGTAAGTCCCAT
TTCGGCTGCAGAATCCATTGAGATGCAGCCATTATTACCTTCCCTGACCTTACACAGCC
TGTGTATGATATATATGCTGACACTACACATTTGGACTCTGTGTTGGCAGAACGCCCCCTT
TCCCGCCTATTCCTCTGCCAATACCACCTTTTCTGGCCCCGACCGTTACTGCTACATCTGC
TGTATCGTCTCAATACACAAATGTTACTGTTCCCTTTGTCTCAGGGGTTTGACGTTCCCTGC
TGTTACAGGGCCTGACATAGCATTTCCCACTGCCCCCTAGTGTCCCCCCCATATTCCCCTC
ATATACCCCTTGCCCCCTCCACAGGCTATATATATTACGGTACGGATTTTATTTAGTAC
CCAATTATGTGTTTTTTTCTAAAGGCGTAAACGTGTCCCCTATTCTTTTGCAGATGGCT
TTGTGGCGGCCCTGGTGACGGCAAGGTATACCTGCCTCCCACTCCTGTGTCCAAAGTTTTA
AGTACGGACCGCTATGTCCAGCGTACCAACCTGTACTATTATGGAGGCAGCTCCCGCCTT
ATTACAGTTGGCCACCCTTATTATACTGTACAGGTCAATGGTGCTAACA AAAAGGCCAAC
ATACCTAAGGTATCAGGGTATCAATACAGGGTATTTAGGGTACGGTTGCCTGATCCAAAT
AAGTTTGGCCTTCGGGACGCTTCCTTATATAATCCTGACACTGAGCGGCTGGTGTGGGCC
TGCAGGGGCATTGAGGTGGGCCGGGGTCAGCCCTTGGGGGTTGGTACAAGTGGCCACCCG
TTATACAACCGTTTGGATGACACTGAAAATGCTTCCTTATTGGTTGCTGCAGATGTTGAC
AGTAGGGATAATATATCTGTTGACTATAAAACAACACAGCTTCTTATCATTGGCTGTAAG
CCTCCTATTGGGGAGCACTGGGCCAAGGGTACTGTGTGCTCTAGTGTGTGCCCTCAGCAG
GGGGATTGCCACCTTTGCAGTTGCTAAATACTACTATTGAGGATGGCGATATGGTGGAA
ACAGGCTATGGAGCCATGAGCACTTTTCCAAACTGCAGGAATCTAAATCGGAGGTGCCTATT
GATATTTGTGACTCCACCTGCAGTATCCCGATTATTTGCAAATGGCTGCAGAGCCATAT
GGGGATTGTATGTTTTTTTTTGTGTTGCGCGGAGCAAATGTTTGCTCGCCACTTTTTTAAT
AGGCAGGGTGTTATGGGTGAGGACCTGCCAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCT
AATAACAGAAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCCCCAACGCCAGTGGGTCTATGGTT
ACATCTGATTCCCAGTTATTTAATAAGCCTTATTGGCTGCACCGTGCACAGGGCCATAAT
AATGGTATTTGTTGGTTTAATGAGTTGTTTGTACTGTGGTGGATACCACCCGTAGTACC
AACCTTACCATTTGTGCTGCTTCCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTTTAAG

GAATATTTAAGACACACTGAGGAATATGACCTACAGTTTATATTCCAACATATGTAAGATA
CACCTAACGCCTGAGATAATGTCTATTTACACAATATGAATGACACATTGTTAGATGAA
TGGAACCTTTGGTGTCAATCCCCCTCCCTCCACTAGTTTGGATGATACCTATCGCTTTCTT
ACCTCTCGGGCCATTACATGTCAAAAGGGCAGTGTGCCCCAGAACCTAAAAAGGATCCA
TATGATAAGTTATCCTTTTGGGATGTGGATCTTAAGGAACGTTTGTCCACTGATCTAGAC
CAGTTCCCTTTGGGTGCGAAGTTTTTATTACAATTGGGCGGCCGCCCTCGTCTGTACCT
CGCAAGCGTGTGCCCCCGTGTCTACCTCCAAAGCCCCCAAACGCAAAAAGGCCAAACGG
TAATTTTATACTCTGTGTGTTGTGTGTGCTGTATTTGGTTTTTGTATATTATGTTATGTGGT
GCCCTCTGTGTGTGTATGTATTGTATAACTTATGTATGTATCCCTACTGTTGTGTAGTGT
GTGTCTCTATGTACCCCTGTGTAGTGTGTGTCTGTATGTAACCCCTATGTACTGTGTG
TCCTGTATGTAACCCCTATTGCACACATGTGTGTGTATGTATTTATGGAATGTGTGTGTT
GGTTTGTGCATTAATAAACTATGTGTCACTGTGGCCCTGTGTCCAGCTGCGCCCTATGAG
ATATGTATTCGGCCATTTCCCTTTCCACCCAGCGTCCATTTTGAGTTCAGCGACCGGTTT
CGGTCTCCCGCGTTTTTGTTTTTGTATGGCGCCATGCCACTTTACACAAAGACTTGTA
TCTTTTATACTTCCGTAGGCGGCTACATGTTCCACACCTGGGAGTGCCCTGACATTTA
TTTGGCTACAAATACATTGTGTGTGTGCACAATTTATGTACTTTTCACTACTCATTTTGCAA
TAATACTGCTGTTAGGCACATAGTTTTGCTGACTACTTTCCCCTAATTACACTTTTGGCT
TGAAAACCTGCCCACGCATTTCAACTATGTGTCTTGTAAACCTTGTTTTATTGCTTTTAAA
CATGTTTTCATGCCATACCCATACCCGCTCGTCCCTATGTGTCTATTCTTTACTTATTATTA
TATATTACAATCATAAAGACTTAAAAATAAGGAGGGACCGAAATCGGTGCACCGAGATAGG
TACATATAAAAAGGATTTGGGCAGGAAGCACAGTAGCA

>gi|85827580|gb|DQ344807.1|_HumanPapillomavirus_type_13,_complete_genome

GTTTCTAACAACTCTTAAGTTTAAAAAATAGGTGGGACCGAAAACGGTTTTTAACCGAAAAC
GGTGATATATAAACCAGCCCCAAAATTGAGCAAGCGGGGCATAATGGAAAAGTGCAAATGC
CTCCACGCCTGCAAAAACGATAGACCAGTTGTGCAAGGAGTGCAACCTTTCTATGCACAG
CTTGCAAATTTCTATGCGTGTTCTGTCAGGAAAACCTGTCCACGGCAGAGGTTTATTCATT
TCAGTATAAGAGTTTATATATAGTGTGGCGAGGATCGTTTCCATTTGCGGCTTGTGCATG
CTGCTTAGAAATACAAGGAAAGATTAACCAGTTTAGGCATTTTGACTTCGCGGGATTTGC
TGTAACAGTTGAAGAAGACACAAAGCAGTCAATTTTGGATGTGCTAATTCGCTGCTATTT
ATGCCACAAACCATTGTGTGAAGTGGAGAACTAAGACATATTTTGCAGAAGGCACGATT
TATTAAATTAAACAGCAGTTGGAAAGGCCGCTGTTTTTCATTGCTGGTCATCATGCATGGA
CAATATACTACCTTAAAAGACATTGTTTTAGACCTGACTCCTGACCCCTGAGGTCTACAT
TGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAAGACGAGGTGGACGAACAAGCCACGCAAGCCACG
CAACATAGCACACTATTACAATGCTACCAAATACTAACGTCCTGTAGTAAATGTTGTAGC
AACGTCCGGCTGGTGGTGGAGTGTACAGGACCTGACATTACGACCTACACGACCTACTG
CTGGGCACGCTGAATATAGTGTGCCCTTTGTGTGCACCAAAAAGCTAACTACGATGGCAG
AGGATACAGGTACTGATAATGAGGGGACGGGATGCTCAGGATGGTTTTTTAGTAGAGGCTG
TAGTAGAACAACAACCTGGGCAACAAATATCAGATGATGAGGATGAAACAGTGGAAGATA
GTGGGTTGGATATGGTGGATTTTATAGATGACAGACCTATTACACACAATTCCTTGGAAG
CACAGGCATTGTTAAACGAGCAGGAGGCGGATGCTCATTATGCGGCTGTGCAGGACCTAA
AACGAAAAGTATTTAGGCAGTCCATATGTTAGTCCCCTAGGACATATTGAACAGTCAGTGG
ACTGTGATATAAGTCCTCGATTGGACGCTATAAAATTAAGTAGAAATTCTAAAAAAGTAA
AGCGACGGCTGTTTCAATCAAGGGAAATAACGGACAGTGGATATGGCTATTCTGAAGTGG
AAGCTGGAACGCAGGTAGAGAGAAATGGCGAACCGGAAAATGATTGTGGGGGTGATGGAC
ACGGAAGGGACAAAGAGGGGGAGGGACAGGTGCACACGGAAGTGCACACAGGCAGCCAGA
TAGAAGAGCACACAGGGACCACGCGGGTGTAGAATACTTAAATGTAAGGATGTAAGGG
CTACATTGTATGGTAAGTTTAAAGACTGTTATGGGTTATCATTTACAGATTTAAGTAGAC
AATTTAAAGTGATAAATCAACATGTGGGACTGGGTGGTTGCGGCATTTGGTATACATC
ATAGTGATATCAGAGGCATTTGAAAAGTTAATGCAGCCATTAACAACATATATGCATATAC
AATGGCTTACAAATGCATGGGGGATGGTATTGTTAGTATTAATAAGATTTAAAGTAAATA
AAAGTAGATGCACAGTGGCGCGAACACTGGCAACCTTTCTTAATATTCTTGAGGACCACA
TGTTAATTGAACCTCCCAAAATACAAAGCAGTGTGGCAGCATTATACTGGTTTGAACAG
GTATTTCTAATGCTAGTATAGTAACTGGTGAAACACCAGAATGGATAAAAAGGCAAACAA
TTGTAGAGCATGGACTTGACAGATAATCAATTTAAATTAAGTAAATGGTGCAGTGGGCAT
ATGATAATGATTTTTGTGATGAAAGCGAAAATAGCATTTGAATATGCACAACGAGGAGATT

TTGATTCAAATGCCAGGGCATTTTTAAATAGTAATTGTCAGGCCAAAATATGTAAAAGATT
GTGCAACAATGTGCAAGCATTATAAAAAATGCAGAAATGAAAAAATGTCTATGAAACAAT
GGATAACATATAGAAGTAAAAAATAGAGGAAGCAGGAAATTGGAAACCAATAGTACAAT
TTTTAAGGCATCAAATATAGAATTTATTCCATTTTTTAAGTAAATTAATTTGTGGCTTC
ATGGCACGCCAAAGAAAACTGTATTGCAATAGTGGGGCCACCAGATACAGGCAAATCAT
GTTTTTGCATGAGCTTAATTAAGTTTTTAGGGGGCACAGTAATTAGTTATGTAAATTCAA
GTAGCCATTTTTGGCTGCAGCCATTATGTAATGCAAAGGTAGCTTTGCTAGATGATGCAA
CGCAGTCATGCTGGGTATATATGGACACATACATGAGAAATTTATTAGATGGCAATCCAA
TGAGCATTGATAGAAAACATAAGTCTTTAGCATTAAATAAATGTCCGCCATTATTAGTAA
CATCTAATGTAGACATTACCAAAGATGACAAATATAAATATTTGTATAGTAGAGTAACAA
CACTTACATTTCCAAATCCATTCCCTTTTGACAGAAATGGGAATGCAGTATATGAGTTGT
CTGATGCAAACTGGAAATGTTTTTTTACAAGATTGTCAGCAAGCCTAGATATACAGGACT
CTGAGGACGAGGACGATGGAGACAATAGCCAAGCATTTAGATGCGTGCCAGGAACAAGGG
CGAATTTCGTTTAAACATGTATGAAGAAAATAGTAATGAACTTAAAAAACATATACAACAT
TGGAATGCTTAAGGTACGAAAGTGTACTTTTACACAAAGCACGCCAAATGGGCCTAAGC
CACATTGGATTACAAGTGGTGCCACCATTGACAGTATCACAAGCTAAGGGACACGAGGCA
ATTGAAATGCAATGACTTTAGAGACATTACTAGAGTCTGAGTTTGGTATGGAACCATGG
ACCTTACAAGATACAAGTCGTGAAATGTGGCTAACACCCCCAAAACGCTGTTTTAAGAAA
CAGGGACAAACTGTGGAAGTAAAATATGACTGTAATACAGACAATAGAATGGATTATGTG
TCGTGGACATACATATGTGTTTGACACAGATAAATGGACAAAGGTGAAAGGAATGGTA
GATTATAAAGGTTGTACTACATACATGGAAATTTGAAAACATATTATATAGAGTTTGAA
AAGGAGGCTAAAAAATATGGGGAAACGTTACAATGGGAAGTATGTATTGGCAGCACAGTC
ATATGTTCTCCTGCATCTGTATCTAGTACTGTACAAGAAGTATCCATTGCTGGGCCTGCT
TCATACTCCACCACCACCTCCACACAGGCCCTCCACCGCAGTGTCTGCGAGCGCCCGGAA
GAATGTGTGCAAGCGCCGCTTGTAAACGACAACGAGGACCTTCACGTCCCATTGGAAAC
CCCCAGAACACACAAAGCATTGTGTGTGTCACAGACGACGACACCGTGGACAGTGCAAAC
AACAACATCAACGTTAACCATTACAACAATAACAAAGGACGGGACAACAGTTACTGTGCA
GCTACGCCTATAGTTCAATTACAAGGTGACTCTAATTGTCTAAAGTGTTCGATATAGA
TTACATGAGAAATATAAAAAATTTATTTTTGTTAGCATCATCTACATGGCATTGGACCGCC
CCTAATAATTCACAAAACATGCACTGGTAACCTTAACCTATGTAAATGAACAACAAAGA
CAAGACTTTTTAAACACTGTAAAAATACCTGCAACCATAACACATAAACTAGGTTTTATG
TCATTGCAATTGTTGTAACAGCATATATTGTATGTAAATATTTGTTGTGTGTGTATAT
ATTGTACATGGAATTTATACCTGTGGATGTTACTACACAGGAAACCAGCAAGTCATTACT
GCCACTTGTAATTGCACCTTACAGTGTGTGTAGTTAGCATTATAACAATATTGTGGATATC
AGAGTTTTTGGTGTACACAAACGTTTTAGTACTAACATTAATTTTATATATACTTTTGTG
GCTTTTACTAACAACCTCCCTTGCAATTCTATTTACTAACCTGTCTCTTTGCTTTCTTCC
TGCGTTGTGTGTACACCAATATATTTTACAAACACAAGAATAATTATACACAATGTTAAC
CTGTACTTTTTGATGATGGTGACACATGGTTGCTATTATGGTTAATTTTATCATTTATTGT
AGCCATTCTAGGGTTACTGTTGCTGTATATAAGAACTGGACATATGCATTGCCAGTGCTG
GAGTAAATAAGTGGTTTTATATTTTGTGTGTATTCAATTAATTATGGCACATAGTAGGGC
TCGCAGACGCAAACGCGCTTCAGCTACACAACATATCAAACCTTGTAAGGCTTCTGGAAC
ATGTCCTCCAGATGTTATACCAAAGGTTGAACAAAACACTCTTGACAGATAAAATATAAA
GTGGGGCAGTTTAGGAGTATTTTTTGGGGGGCTTGGCATTGGCACAGGCTCTGGTACTGG
CGGTAGGACTGGCTATGTACCAGTAGGATCCACCCACGCCCCTGCCATATCATCTGGGCC
TACTGCACGTCTCCTATTGTTGTTGATACTGTTGGGCCTACAGACCCCTTCTATTGTATC
TTTGGTAGAGGAATCAGCTATTATTAATTCTGGAGTGCCTGACCCTTTGCCTCCGGTTCA
TGGGGGTTTTGAAATTACCACATCTCAATCAGCCACTCCAGCAATATTGGATGTGTCTGT
TACAACACAAAACACTACGTCCACAAGTATATTTAGAAATCCTGTTTTTTCAGAACCTTC
TATTACACAATCTCAACCTCTATTGAAAGTGGTGCACACGTGTTTATATCGCCATCTAC
TATTTCCCCCTCATTCACAGTAAGACATTCCCTTTAGATACATTTATTGTATCTTCCTCAGA
TAGTAATCCTGCATCAAGCACCCCTGTTCCAGCAACTGTTGCACGTCCACGTCTAGGCCT
TTACAGTAGGGCCTTACATCAAGTACAGGTTACTGATCCTGCCTTTTTTTTCGTCGCCCCA
ACGCTTTATAACCTTTTGATAACCCAACATATGAAGGTGAAGATATAAGTTTGCAGTTTGC
CCACAATACCATTTCATGAACCCCTGATGAGGCATTTATGGATATTATAAGACTACATAG
GCCAGCCATAACATCACGGCGTGGTCTTGTTAGGTTTAGTCGAATTGGTCAGAGGGGGTC

TATGTATACTCGAAGCGGCAAGCATATAGGTGGAAGGGTCCATTTCTTTAAGGATATTTCTCCTATATCTGCAGCTGCAGAACAAATAGAATTACACCCCCTTGTGGCTGCTGCACAGGATCACAGTGGTTTGTGGTATTTATGCAGAACCTGACCCTGACCCTGTGGCTGTAAACACCTCTGGGTCATTGTCTTCTGCCTCCACACCATTTGCGCAATCTTCTTTGTCTTCCGCCCCATGGGGTAATACTACTGTTCCCTCTTCTACTACCAGGTGATATATTTATACAGCCTGGTCCTGACATAACATTCCCAACTGCACCTACAGTAACACCTTATAATCCTGTTACGCCTATTTTACCTACAGGTCCTGTTTTTTATTACTGCTTCTGGATTTTATTTATATCCTACATGGTATTTTACACGCAAACGCCGTAAACGTGTTTTCTTGTTTTTTACAGATGTGGCGGCCTAGTGACAACAACTATATGTGCCTCCTCCCGCCCCCTGTATCAAAAGTAATTACTACGGATGCCTATGTTACACGTACCAACATATTTTATCATGTAGCAGTTCTAGACTACTTGCAGTGGGAAATCCTTATTTTCTTATTTAAGAAACAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTGGTTATCAGTTAGGGTATTTAAAGTTGTATTACCTGACCCTAATAAATTTGCCCTGCCTGACACATCTATATTTGACTCAACTAGTCAACGCTTAGTGTGGGCCTGCACAGGTTTAGAGGTTGGTAGGGGTCAACCCCTTAGGTGTTGGTATTAGTGGTCATCCATTATTAAATAAATATGATGATGTGGAATTTCTGCAAGTTATGCTGCCAATCCTGGCCAGGATAATAGGGTTAATGTGGCTATGGACTATAAAACAAACACAGTTATGTTTAGTGGGCTGTGCACCTCCTTTAGGTGAACATTGGGGACAGGGCAAGCAATGTACTGGTGTAAATGTACAACCTGGAGATTGCCCTCCTTTAGAATTAATTAGTAGTGTAAATTCAGGATGGTGACATGGTAGATACAGGATTTGGAGCCATGAATTTGAGGAATTGCAATCTAATAAATCTGATGTGCCACTAGACATATGCACGTCCACATGCAAATATCCTGACTATTTACAAATGGCTGCGGATCCTTATGGAGACAGATTATTTTTTTTATTGCGAAAGGAACAAATGTTTGCAGGCAATTTCTTTAACAGGGCAGGCTCTGTTGGTGAATAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATAATACTCCCAGTGGCTCTCTTGTGTCTTCCGAGGCCAGTTGTTTAATAAACCTTATTGGTTACAAAAGGCCAGGGACACAATAATGGTATATGTTGGGGCAATCACTTGTGTGTACTGTAGTTGATACTACACGCAGTACTAACATGACTGTGTGTGCAGCCACTACATCATCTCTTTCAGACACATATAAGGCCACAGAATATAAACAGTACATGCGACATGTAGAAGAATTTGATTTACAATTTATTTTTCAATTGTGCATATTAAATTAAGTGCAGAGGTTATGTCATATATTCATACTATGAATCCTACAATTCTAGAAGACTGGAACCTTTGGGCTATCTCCCCCTCCTAATGGAACATTGGAAGACACATATAGATATGTACAATCTCAGGCCATAACGTGTCAAAAGCCTACACCTGATAAAGAAAACAGGATCCGTATGCGGGTCTTAGTTTTTGGGAGGTTAATCTTAAGGAAAAGTTTTCTAGTGAAGTACATCAGTATCCCCTTGGCAGAAAGTTTTATTACAAACAGGCGTTTCTAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACACGTAAAAAGCTAAAAAGGAAATAATAGTTTGTATTATGATTGTGTATGTATGTCAGTTTTGTTTGTACTGTATATATGTTGTGTACTGTATGTGTAATGTTGTAATGTATGTGCATGTTACTTATTAAGAATGTGTGTGTGTGTTTGTATGCAATAAATTTAATCTGTGGTGTCTGTTCCACCCTATGAGTAAGTGGTATGTTGTGTCTCGTGTGTTGTTTTGTATACTATACTATAACAGTAGTGCAACCATTTTGTAACTTTTCTTACATTTTACGTCTCCATATTAAGTGCAACCGATTTTCGGTTGCTATTGTTTTCTGCAACCGATTTGTTGCAGCACGCTGTTTTATATAATCTTACCTACCGCCTGCCAAAATTATCCACCGCTTGCCAAAATCACCCACACCTGGCGTTGCTAGGGCGCGGTTATATATGTTTACTAAATCTTACTAATCTTTCTATCACTCATTTTACCTTTATAACAATACTTTTGCTTTTCAAGTACATTTTCTACTTACTAGCCAATGCCTGAAAGGTTTTTTGGCTACCAGCACTACATTTTGTACAGTTAATGTTACATGTATAAAATGAGTAACCTAAGGTCACACACCTGCAAACCGGTATCGGTTGAAACACACCCTCTATAGTTCCTTATTATA

>gi|71726718|gb|DQ080083.1|_HumanPapillomavirus_type_102,_complete_genome

ATGTCAAGTGC GCGCTACCCACCAACATTTTGTGCTGTGCAAAGAATGTGAAGTGGATTGGAGGACTTACGACTGCTTTGCATTTATTGCACAACCTGAAGTACCGCAGCAGAAGTATTGTCCTTTGCAATTAAGGAGCTGTGTATTAAGTGGGACCACGAAGTGCCTACGGAGCCTGTGCACAGTGTTTGTGTGAGCAGCTAAAGTGCGGGAACACGGCAGTGGAACTACTCCAGCTACGGCGCAACGGTTGAAGAAGAAACCCGCACAGCATTACCACAGCTGTATATGAGATGCTATATGTGCTGAAGCCGTTGTGTAGTACGAAAAGGAATATTTGGTGCAAACAGGCATAGGTTTTCATAAAATAGCAGGGGAGTGGACAGGAAAGTGTGCAACTGTAGGGTATCATGCACGGCCACGCAGCAACGATAGCAGATATAGTTTTTAGAAGAATTACCAGATGTAATTGACCTGTATTGTAATGAGCAAGCAATAGACAGCTCAGAGGAGGAGGACGAGAGGGATTGTGTGCGTGACCAACTGGCAGAACAAAGCAAAAGCAGGCCTATAGGGTGGTAACAAAGTGTGGTA

TGTGTGGCCAGTCACTGAGACTGGCAGTGCTGTGCGGAGACACAGACATAAGACGTCTAC
AGGAGCTTCTGGTGAATGCGGTGGACATAGTGTGTCCCAGCTGCGCATAAGGACATGGCA
CATGCAGAAGGTACAGATAATGGGGAATTTAATACTACAACAAACGGGGCAGGGGGGTGG
TTTGTGGTGGAAGCCATAGTTGACAGAACAACAGGGGACCAGGTGTCCAGTGATGAGGAT
GAGGAGGGAACAGATAATGGGGAAGACCTTGTAGATTTTCATAGAACGATATCCAGGGGAT
GGGCAGGAAGTTCCGTTAGAGCTGTTTGTACAACAACTGCAAATGATGACGCTGCTGCA
GTGCAAGCCCTAAAACGAAAGTTTGTAGGTAGTCCCGCATCAAGCTCCTGTGCGACATGG
GTGGACAGTGAACCTAAGTCCTAGGTTAGACGCCATTAAAATAGATAGGAGACAGGAAAAA
GCTAGACGAAGGTTGTTTGACCAAGACAGTGGGTATGGCAATACGCAGGTGGAAGCTGGA
ACATTGGAAGCCAGGTACCAGGGGATAATGGCGTCGCGGGGGGGCAGGTGGCGGCACAG
GAAATGGGGGAGGAGAACAGGGAGGGGGGGGACGGCGAATGTGAACCGTCTGTGCAGGTA
CAGCAACAGCAAACGCAGGACAAAGCGCCAGAGCTGCTGGAGCTGTTTAAAGGCAGTAAT
GTTAGAGCCGCCATATTAAGTAAGTTTAAAGATTTATTTGGGCTATCATTTTATGATTTG
GTAAGGCAGTTTAAAGTGACAAATCCATATGTGGGGATTGGGTGGTGTGCGCCTTTGGG
GTGTACTATGCAGTAGCAGAAGCAGTAAAAACATTAATACAGCCGCAGTGTATATATGCA
CACATACAAATACAAACCAGCCAATGGGGAATGGTTGTGTTGCTACTGGTAAGATTTAAA
TGTGGCAAAAGTAGAGAAACAGTGGCAAAATATATGGGCACGGTACTAAATGTACCGGAA
AAGCATATGCTAATTGAACCACCAAAAATACGTAGTGGTCCATGTGCCCTATATTGGTAT
AGGACAGCCATGGGCAATGTCATGTGAAGTGATTGGGGAAACACCGGAATGGATAGTACGA
CAAACAGCTGGTAGGGCATGCCATGGGAGAAAACCTCAATTTAGTTTGTCAAGTGCTTGTGCAG
TGGGCATATGATAATGATATACAGGATGAAAGTGATTTAGCATATGAATATGCAAAATTA
GGTAATGAAGATGCTAATGCAGCTGCATTTTTAGCCAGCAATTGCCAAGCAAAGTACATA
AAAGATGCAATGACAATGTGCAGGCTATATAGACGTGCAGAACAGGCCAGAATGAGCATG
GCACAGTGGATAGTGCACAGAGGACGCAAGGTGGCAGACACGGGGGATTGGAAACATATT
GTAAAATTCTTAAGATACCAAAGAGTAGAATTTATTACATTTATTAGTGCATTTAAGTTG
TTTCTAAAAGGGATACCAAAAAAAGCTGCTTAGTATTTTATGGACCTAGTGATACAGGA
AAATCATTGTTTTGCATGAGTTTATTGCAATACCTAGGGGGCGCAGTAATATCTTTTGTA
AATTCAAGTAGCCATTTCTGGTTGTCCCCGTTAGCAGATGCAAAAATAGGCCTGTTAGAT
GATGCAACAGGACAATGCTGGACCTATATTGATGTATACCTGCGTAGCATATTAGATGGA
AATCCCATAGTATAGACAGAAAACATAGAACACTGACACAACCTAAAATGTCCACCGTTA
ATGATAACAACCTAATGTAGATCCGTTGGCAGACGAGTCACTAAAATATTTACGTAGCAGA
ATAACAGTGTTTAAAGTTTATGAATAAATGTCCAGTAACAGCCAGCGGGGAACCAGTGTAT
ACACTTAATAATGAAACGTGGAAATCATTTTCCAAAGGTCCTGGGCACGTTTAGAATTG
CATCCAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGATGGCATCGCTAGCCGACCGTTTAGATGC
GTGCCAGGAGATGCTAATAGACCTCTATGAAAAAGATAGCAACAAATTGGAGGACCAGTT
GTTGCATTGGCAATGTGTGCGTCGGAACATGCAATATTATTTAGGGCAAGAGAAGCAGG
ACACACCAGTGTAGGCCACCAGGTGGTGCCACCCTTAGTGTAACCAAAACAAAGGCATG
TCAGGCCATTGCAGTGCACCTATCATTGCAGAGCCTAAATAACAGTGACTTTAAGTATGA
ACCGTGGACACTACAGGATACATCCATGGACATGTGGAACACACCCCCACAAGGGTGCTG
GAAGAAAAAAGGATGTACAGTGACAGTTAAATTTGATAACAGTGACTGTAATGAAATGGA
CTATGTCAGCTGGGGACACATATATGTAAATAAGGAGGACACAGACACATGGTATAAAGT
GCCAGGCCGCATAGATTATGCGGGGCTGTATTATGAGGTGCAGGGATGCAACATTAATA
TGTGGCGTTTGCAAAGGAGGCCCTAAAATATGGGACAAAAAACATATGGGAAGTGCATGT
GGGCAACAATGTTATTCACCAACCATGCGACTCTGTATCTAGCACCCAGGACACCGTGTG
AGAAGTACCCCTTGCTGCAACTTGTGACAGGCTACCACACGCCGACGAACCCACCACCAG
CCCCGAGGTGTTGGGCACCACCCAGAGCACCCCAAGTGCAGGCGCCGCTTGTAAAGCG
ACAGCGACTCTACGGAGACGGAGCAGAGCAGCCCCGACGCCACCGAAAAACAACATCAAAA
GCGGCTGGACACTAGTACCCACGGATTCTACGGTGACACTGAGTGCCCCAAAACGCCCAAG
GGACAACAGTGACAGTACAATAACACCTGTAATCCACTTACAAGGTGAAGCCAATAAGTT
AAAGTGTTTTTCGATACAGATTACACAAGTTTGTACCAACATTGCTTGTGGGGGCCACGTC
CACGTGGCACTGGACGTGCGGGGAGACAGTCCACTAAAGCAACCTTTGTTACCTTGCGGTA
TAGCAGTGTAGAACAACGTAACCTGTTTTTAAAGTAGGGTAACAATTCCAAAAGGTATTAA
AGCAATGCAAGGCCATATGTCCATGTGCTTCTAAACATATTGGGTGTATGTACATATATG
TATATATGCTGTAATACTTACATTGTATAGGTGTATACAAATTGTGTTTGCAGTACACTG
AGCCACATATTACCAATCCACCCCCACACCTGGTAAAGTGTGCACACAGTTACAACCCTG

GATCTTGTTTTATGCTTTATATGTTGGTGGTGTGACATACTTGTGCTTCTTGTTTGCTTT
TGGCTTTTCGTACCTTTCTCCCTGTGCTGCCTTTGTTGTGTTTATGTGCATTATATACCTA
GGGTTGTTTTTAGTGTACCTTCAGGTACTGTGGTCCAGTGGATTGTTATAACCACACAAC
CAGCCATACACTGCTGCTATTTGTATATAGTTTGTTCCTTGTGTATTGTAGGTGCATTAT
GTATCCATTGGAAACACGACGGGGGGGGCCGTCCTATGATGTGATTGTTTTTGGGCAAGC
TGATACTGGATTACTGTTAATAATTTTAATTTTGATCATCATAATTATTATCCTGCTGTA
TATGAGGCTTATGCACATGTAGACTCCTTACTGTGTTCCCTTTTGTATTCCCATACATTTT
TGATATTACTTTTTTGTATTGTTTTATACACAGCACTTAATAAATACATTTAATTACACAA
TGTCCACTGTGGTTAGGCGACGCAAAACGAGCGTCCGCAACAGATTTGTATCGGACCTGCA
AAGCTGCAGGTACCTGTCCCCCAGATGTTATTCCCTAAGGTTGAAGGTGATACATGGGCCG
ACAGACTGTTAAAATGGGCCAGCTTGGGTGTGTTTTTTGGACGTCTTGGAATTGGTACAT
CCTCTGGTACAGGGGTTCGTACAGGCTATATACCGTTGGGTACCCGTCTCCCACGGTGG
TAGATGTTGGTCCCTACAGCACGCCCCCTGTGGTTATTGAACCTGTGGGCGCCGGGGAGC
CTTCTATTGTACAGCTTGTAGAGGATTCCAGTGTATTGAGGCGGGGCTACTGTGCCTA
CATTTACAGGCACACATGGGTTTGAGGTCAGTCTTCCACCACTACCCCTGCTGTGC
TAGATATTACCCCTTCGTCCACCACCGTACAGGTTAGCAGCACTAGCTTTACTAATCCCT
TGTTTACAGAACCTTCTATAATTGAGGCTCCACAACATGGGGACATTACTGGACATGTGT
TTACAAGCACGCCCACATCTGGCACTCATGGCTTTGAGGAAATACCCATGCAAACCTTTG
GCACCTCCTATTGGTACAGGCCAGGAACCTATAAGTAGCACTCCCATTCAGGTGTGCGAC
GTGTTGCAGGCCCCTCGCATTGGCCTTTACAGTCGTGCGACAGACCAAGTTAAAGTATCTG
ATTCTGCCCTTTATATCCCGCCAGGCTCTTTTGTAAACATATGACAATCCTGTATTTGACC
CCGAGGAAACAATCATATTTGAACACCCTAGTTTACATGCTCCACCCGATCCTGACTTTC
TGGATATTGTGGCATTGCACAGGCCTGCCTTAACAACCTAAGCAAGGTGCTGTTTCGGGTTA
GTCGTATAGGTCAAAGGGCCACATTACGCACCCGCTAGTGGCAAACGCATTGGTGCCCGGG
TGCATTTTTTACCATGATATTAGTCCTATTGCAGGTGCAGAGCATATTGAACTTCGCCCT
TGCAGCCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATTTATGCTGATAATG
GCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTT
TGCAATCTACAAATATTTAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAG
TACCACTCTCTTCTGGGTTTGATTTGCCTGCATATACAGGCCCTGACATTCCAATTGCCA
CTCCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTCCCTCCCAATCTGTGT
TTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTTATTGCCTAATTACTTATTCTTTCTAAAAAACGTA
AACGTGTGCACTATTCTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGACATGGTGACGGCAAAACATAC
TTGCCTCCCACTCCTGTGTCTAAGGTTATGAGCACGGACCGTTATGTTACACGCACCAGC
CTATTTTATTATGGTGGCAGCTCCAGACTTCTTACTGTGGGACACCCATACTATCCTGTG
CAGGTTAATGGGCAGGGCAAAAAGGCAAAACATACCTAAGGTGTCTGGGTATCAGTACAGG
GTATTTTCGCGTTAAATTACCTGATCCTAATAAATTTGCTCTTCCTGATACTGCTTTATAT
AATCCAGACACTGAACGCATGGTGTGGGCCCTGCCGTGGTGTAGAGGTGGGTCTGGCCAG
CCTCTTGGCGTTGGCACCAGTGGCCACCCCTTTATATAATAGACTGGATGACACTGAAAAC
ACCCCATTTACTTGCTGCAGCAGACGCCGATAGACGGGACAATGTTTCTGTAGATTACAAA
CAAACCCAACTACTTATTATTGGGTGTAAACCCCTTATTGGGGAACACTGGGCTAAAGGC
ACTGTTTGCCTGGAGTGTCTCTAAGGCTGGCGATTGCCCCCCTTACAGTTTGTAAT
TCTACAATTCAGGATGGCGACATGGTTGAAACAGGGTACGGTGCCATGGATTTTGCCAAT
TTACAGGAATCTAAGTCAGAGGTGCCTATTGATATTTGCACAGGTATTTGTAAATATCCT
GATTATTTACAAATGGCGGCTGAGCCCTACGGAGACTGTATGTTTTTTTGCCTCCGTAGG
GAACAAATGTTTGCCAGGCATTTCTTTAACAGACATGGAACCATGGGCGAGGAACTCCCT
GCCTCCTATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATAGACAAACTCCTACCAGTTATGTA
TATGCCCCAACTCCTAGTGGGTCCATGGTGACATCGGATTACAACTGTTTAATAAGCCT
TACTGGCTTCAACGGGCCACGGGACACAATAATGGCATTGTGTTGGTTAATGAGGTATTT
GTAACAGTGTGTAGATACCTCGTAGCACCAATATTACTATTTCTGACGCCACATCACAG
TCCGGTGAATACCAGGCCTCTAAGCTTTAAGGAATACCTACGCCACACAGAAGAATATGAT
TTACAATTTATCTTTAGCTGTGCAAAATACGTTATTACACCCGAAATTATGGCCTACCTC
CATGGTATGAATGAATCTTTGCTAGATGACTGGAATTTTGGTGTATTGCCCCCTCCTTCC
ACCAGCCTTGATGATACATATAGGTATTTGCAGTCCCGTGCTATTACCTGCCAAAAGGGG
GTTTCTGCTCCTGACCCCAAGAAGGATCCATATGATGGCCTTGCTTTTTTGGGAGGTGGAT
CTCAAAGACAACTGTCTATGGATCTGGATCAATTTCCCTTTGGGGCGTAAGTTTTTGTG

CAGCTGGGGTCCCGTTCTGTTTCTGTGTCTCGTAAGCGCCCTGCCTCTACATCCACGTCT
GCCCCCTTCTAAAAAAAAGTAAAAAACGTAAAGTAGCGTTATACTTATGTGTTGTACGTG
TGTGTTGTGTATGTGTGTGTATACATATGTTGCCTATGTGTTTCGTGTATGTATGCATGTT
TGTTTGTACATGTTTGTGTGTTCTATGTGTATGTATTTGTGGAATGTATGTGTTGTTTG
TGCATTAATAAACAGTGTGTCACTGTGGTCCAGTGTCCGGTTGCACCCCGTGAGTAAGCC
CTCCACACGTCTTGCACCGCCTTACAGTTCCCTGACCCCTTATGTACCAGTTCCTTTTGTG
TTGCTGCGACCGGTTTCGGTCTCCCCAATTCCTTTTGTGTTGCTGCGACCGGTTTCGGTC
TCCCGCCTTTTCGGTCTCTACAGTGGCATGCTGCCACAACACACAATAGTAAGTAATCCT
GTCTTACGCATATCCTGCATACATTGTGCCAATGTTCCACACCTGGGAGTGCCTGACAGT
TTGTTGGCTGCACAACGTGGTTGCCAGACAATATTTATGTTTTACTCATACTCATCCTGC
AAAAAATATGCTTTTAGGCATGTACTTTGGCTGACTACTTTCCCTAATTACTTTTTTGG
CCATGCAAACTGCTTGTGTGGCCAACTATGTGTCTTGTAAAGCAGGACTAACAGTTACAA
ACTTGTGTCACACACCTAATCCGGTTACTACCTACACAGCAATTTCTTTTATAATAATTT
ATAACAATCATACCTATAAAAAAGTAGAGAGCAACCGGAATCGGTCCGACCGAGGGGTAT
ACATATAAAAGGGAAGTGTGTGCTCAGCAAAGCTAGCT

>gi|71726710|gb|DQ080082.1|_Human_papillomavirus_type_106,_complete_genome

ATGGGTACATATAAAAGAGATATGTTGCTTCAGCACAAAATAGCCATGACCAACGGAGAC
TGCTGTCCAAAGAATATCTTCTTATTGTGCAAAGCCTATCAACTGGACCTGCAGGACCTG
AACATAACTTGCGTGTGTTCTGCAAAACAGCACTAACGGAGGCGGAGGTTGTATCGTTTGCA
TGTAAAGAGCTTAAAGTTGTGTGGAGAAAACAGTTTCCATTTGCAGCGTGCTCGGCGTGC
CTGAAAGCAGCTGGAATACTTAGACAATTTAGATACTGGGACTACTCCAGCTATGCACCC
ACAGTGGAGTATGAAACAGGGATACCAATACTAGAGCTGTTTATTAGATGCTACCTGTGC
CATGCACCGTTGTGCACTGTGGAAGGAAACGGCTAATAACAGAAGGCAAACGGTTCCAT
AAAATAGCCGGGCACCTGGCGAGGCGCTTGCCTGCAGTGTGGACATCATGCATGGCCAAC
AACCAACCTTAAAGGACATCCTGTTAGAATTGGATGAGCCAGATGTTGTTGACCTGCATT
GTAACGAGCAATTTGCCAGCTCAGAAGAGGAGGATAATAGGGAGGACGGTGAGCAACCTA
CAGAACCAGCACAGCAGGCATACAGGGTATTAACATGCTGTTGTAGGTGTGGGCGTGCAG
TAAGGCTGGTGGTGGAGAGTGGACACGCAGAACTCAGAGTGCTGCAGGAGCTTCTGTTGG
GTGCACTGGGCATAGTGTGTCCGCACTGCGCATAACTGCTATGGCCGACTGCGAAGGTAC
CAATGATGGGGACGATGTGGAGGAGGGACGGGGGGCATGCGGGTGGTTCTGGGTGGAAGC
CACAGTAGACAGGACCACAGGACAGCAAATATCTAGTGATGAGGAGGACGAGGACGACGA
TACAGGACAGGATATGGTCGATTTTATTGATGATAGGTATGCTGGGGATGGACAGGAAGG
TGCGCCTGAACTGTACAGACAACAGGAGGTACAAGATGACGAGGCAATTGTGCAGGCCCT
AAAACGAAAGTACATAGCTAGCCCGTTGTCCGCCGGGCTATGTATAGACAAAGAACTGAG
TCCACGGCTGGATGCCATAACCATAGGTAGACGCTCACAAGGGGCAAACGCTAGACTGTT
TGAGCTGCAGGACAGTGGTTATGGCAATACGCAAGTGGATACTGACGCGACAGAGGACCA
GGTAGTAGGGGAACGCAAAGGGGACCCAGGCACGGGGGGGTACGGGAAGCTGAGGAGGA
GGAGGAGCGTCAGGGGGGGGATGGTGCACCAGGTGCAGAGACAGCTTCAACACAGGCGGG
TACAGAGGCTGTGTTAGCGCTGCTAAAGACAAGTAACCTAAGGGCGACGCTGCTAGGTAA
GTTTAAAGACTTATTTGGGCTGTATATATGGAGCTGGTACGGCAGTTTAAAAGTAATAA
GACAACATGTATAGACTGGGTAATTTGTGCATTTGGCGTGTATTGTACAGTTGCAGAGGG
CGTAAAGACCCCTTATACAGCAACACTGCCAATATGCACATATACAGGTGCAAACCTGCAG
ATGGGGAAATGGTGGTCTAATGCTAGTACGATATAACTGTGCCAAAAACAGAGATACAGT
TGCAAAATGTATGGGCGGGCTGCTAAATATACCAGAGCACCATATGCTTATTGAACCGCC
CAAAATTAGATATCCACCAGCAGCACTATATTGGTACAAAGCAGGCATGGGCAATGCCAG
TGAAATAATTGGAGAGACGCCAGAATGGATAGTAAGACAAACAGTAGTAGGCCACAGTTT
AGAGGAATGTCAATTTCAACTATCAGTAATGGTGCAATGGGCCTATGACCATGACATAAC
AGATGAAAGCATATTGGCATATGAATATGCACGATTGGCAGATGTAGATGGAAATGCAGC
GGCATTTTATAGCAAGCAATTGCCAGGCAAAATATGTAAAGGACGCATGCACTATGTGCAG
GCACTACAAACGGGCGAGAGCAGGCCCCAAATGACAATGTACAGTGGAATAACCTTTAGAAG
TGCAAAAATATCAGAGGAGGGGACTGGAGGCCAATAGTGCGGTACCTAAGACATCAGGA
CATAGAGTTTATTTTCAATTTGTAATCGCACTAAAAAACCTACTAAAGGGAATACCAAAAAA
ATGTTGTATAGTTATTTATGGGCCTGCAGACACAGGCAAATCATACTTTTGTATGAGCTT
GCTACGCTTCCTGGGAGGGGTAGTTATTTTCATATGCCAATTCAAGCAGCCATTTTTGGCT
GCAGCCATTATGTGATGCAAAAATAGGATTAATAGACGATGTGACACCCCACTGCTGGAG

TTACATAGATACATACCTACGAAACGCGCTGGACGGAAACCAGGTATGCATAGACAGAAA
ACACAGGCCATTGCTGCAACTAAAATGTCCACCCTATTAATGACAACAAATACCAATCC
TTTAGAGGAAGACAGGTGGAAATTTTACGCTAGTAGACTGCAAATGTTTACCTTTAAAAA
CGCATTTCCCGTGAATCAGAAAGGGGACCCATTGTATATACTAAATGATGCAAATTGGAA
ATGCTTCTTCCAAAGGTTGTGGGCTCGGTTAGACTTACACGAGCAGGACGACCAGGAGGA
CAATGGAGACATTGGCCAGCCGTTTAGATGTGTGCCAGGAGAAGTTGCTAGAACTGTATG
AAAAGGATAGTGACCAGCTGCAGGACCAAATATTGCACTGGCACCTTGTGCGATGGGAAA
ATGTTATTTTATATAAGGCACGTGAAGCGGGACATTTGCACCTAAACCACCAGGTGGTGC
CAGTGCAATTGATTGCAAAAGCAAAAGCATGTAAAGCTATTGAAGTGCAGCTTGCATTAA
AGACATTGCTAAAAAGCCCCTATGGCACGGAACCGTGGACATTGCGTGACACAAGCCAGG
AAATGTGGGACACAGAGCCTAAGCAATGCTGGAAAAAAGGGGCTACACCGTAGACGTTA
AGTTTGATGGCGAGGAATCCAAACTATGTGCTACACATGCTGGAGGGATATATATGTGC
AAAGCATTGCTGATGATACATGGGACAAAGTAACGGGCCATGTGGACCATGCAGGACTAT
ATTATGTGCACGAAGGGACACGTGTAACCTATGTTAAGTTTTTACAGGAAGCACAGACAT
ATGGGAGCACTGGCACCTGGGAGGTGCATGTGGGAGGACACATTATTTATGATGCATTTCG
ACCCCTCTGTGTCTAGCACCCAGGACACCGAGCAAGAACCCCTATCCACTACTAGACCTA
CTGACCCATCGCACACCGACCAACCCGACGCCACCACCCCAACCCCGTGTGGGCCCCG
CGCCGACCTTCGTGCCGCCGCCGCTAAGCGTCAGCGACTCGGATACGGACCTCAGCACA
CAGAGCAACCGGACTCAACAGGGGACAGGGGTGAGCGGCTGGCACGTGACAACGCAAGGG
ACCAGTGTAAACCTGACGGCGCGAACCAGCAGGAACATCAGTGTCCGTCACGGTGCAC
CTGTAATACACCTCCGAGGTGATCCAAATAAGTTAAAGTGTTTAAAGATATAGACTAAAAA
AGCATACACCTGTATTATTTACCAAAGCATCATCCACCTGGCGATGGTCAACGTGCAGTA
GCCCCACCGATGCAAATTTCTGCCTTTGTAACATTGTGGCATGATAGTGTAGAGCAAAGAG
CAAAGTTCTTAGCTACGGTGACTCTGCCTAAGGACATTGTGGCTGTACCTGGGTACATGA
CTATGTTTGCATAATAGTGGCCTGTGTATATTGTATACTTGTATATTTGTATACCCATTG
TACAGTGCAGGAACATTAAGGGCACGTAGGCACGTGTGTATACTACACCTGGAGATTTTT
ATTTGCTGGCTATCTGTTTGGACACACCTGCTGCTATTGCTTATTTGTTTCTGGCTTTCT
ATGCTGTCTGCTTTACTGCATTTCTTGTTTTTTTTTTGCTGTGTATATAGCCCTTCTAA
TAGTATACACACAGGCAGTGCGGTCCCTTGACCAACTGTGACCTTACCACACAACCAGCC
AAATCTGCTGCTCAATTGTATATATTCCCTGTGTGTCATAGTGTGCAACTATGTATCCTG
TAGTGGTGCCTGATAAGGGGGGTGATACAGAATATCCTGCTGTACTGTGGACACCCCAAG
ATGACAAACTGTTGTTATTGCTGCTGGTGTAGTTTGTCTTTTGGTGTTTTTTAGTTACC
TTCGTTTGTGTCAGTAGTTTTTACCTTTTGTATGTACATGTACTAGGGTGGGTTTTATAT
TATTGGGTGTTGTGGGTATATTTACATATTTTGTGGTTTTTACATTTTACATATT
TTGCGATAAATACTGTTAATATGCATCGATCCAAGCGACGCAAGCGTGCCTCCACCACAC
AACTATATCAAACCTGCAAAGTGGCAGGTACCTGCCCCCTGATGTTATTAACAAGGTTG
AACACACCACCATTGCAGATAAAATATTACAATGGGGCAGCTTAGGTGTGTTTTTGGGG
GGTTGGGAATTGGTACTGGGTGCGGCACTGGTGGGCGCACTGGGTATATACCCATTGGAA
CCCGGCCCCCTACTGTTGTGGATGTAGGCCCTCCAGCCCGCCCCCTGTTGTTATTGAGC
CAATTGGGGCGTCTGAACCGTCCATTGTCACCTTAGTGGAGGATTCCAGTATTGTTGCCT
CCGGTGCCCCGCATCCACCTTTACAGGAACAGATGGGTTTGAGGTACCACTGCCTCTA
CCACAACCCCTGCTGTGTTGGATATAACCCCTTCAGGTGGCACTGTGCAGGTTAGTAGCA
GTAGCTTCACCAATCCATTATTTACTGAGCCAGCATTAGTAGAGCCTCCACAAACAGGTG
AGGTCTCAGGACATATATTAATTACTACACCTACAGCTGGATCTCATGGCTATGAGGAAA
TACCTATGCAAACCCCTGCTGTGCAGGGCACTGGGGAGGAGCCTATAAGCAGTACCCAC
TTCCGGGGGTACGACGTGTGGCCGGGCCACGGTTGTATAGTAGGGCTATCAACAAATTA
ATGTACGGGACCCACCTTTATGTCTGAACCTGCAACATTTGTTACCTATGACAATCCTG
TATATGATCCAGAGGAAACAATTATTTTTGAGCGTCCCAGCATTCAGCAGGCCCTGATC
CTGACTTTTATAGATATTGTGGCACTTCACAGCCCTGCCTTGGCAGACGTAAGGGCACTG
TACGGTACAGTCGTGTTGGGTGAGCGGGCTACATTAACCAAGTGGCAACGTATAG
GTGCACGGGTTCATTTTTTACCATGATATAAGTCCAATTACTCCTGCTGAAGAGTTAGAAA
TGCAACCTCTGGTGTCTGACACCCCTACTTATCTTAATTCCTTATATGATATTTATGCTG
ACACCGAGACGCCTGGGTGCGCTCAGGGCACCTTAGCTTCTATACACACATCCACACCTT
TGCAGGCGCCTTCATTGGCTGCATCATCCACTGTCTCCACAGTATCGCACACTACTGTTT
CCCTGTCTACAAGCTTTGATGTCCCTGTTTTTAGTGGCCCTGACAGTGCTCTTCCCGATT

CCCACACTGCTTGGCCCGTGCCCCCTACCCCTCCTGGTCACCCACAGGCGATGTGCTTG
TGCACGGGTCTACATATTATTTATTGCCCTCATATGTGTTGCTTCCTAGGAAACGTAAAC
GTTTTCCATCTTTTTTTCAGATGGCATTGTGGAAGCCTAGTGACAACAAAGTATACCTG
CCTCCCGCCCCCTGTGCCAAAGGTTCTGAGCACCGACGACTATGTATCAAGAACAAACATT
TATTATTATGCAGGCAGTTCCCGATTGCTGACCGTAGGTCATCCATATTATCCTATCAAA
AAGCAAAGTGACGGAACCTATAGTGGTGCCCAAAGTGTCTGGATACCAATATAGGGTA
TTTAGGGTTCGTTTGCCTGATCCCAACAAATTTGGCCTTCCTGATGCATCGTTATATAAT
CCAGACTCCCAGCGTCTTGTCTGGGCCTGTACGGGTGTTGAGGTTGGTAGGGGGCAGCCA
TTGGGGGTAGGGGTTAGTGGCCACCCCTTATATAATAGGTTGTATGACACTGAAAACACT
AATTTATTTGATGTTGTTCTTGGGGACGACAACCGGGACAATATGTCCATGGATTATAAA
CAAACCTCAGTTATGTATTATTGGCTGTAAACCGCCATTGGGGCGAACACTGGGCAAAAGGC
ACTCCATGCAATACCTCCAATGTCACTGCAGGGGATTGTCTCCTTTGGAACCTCACATCT
TCCACAATACAGGATGGGGACATGATTGATACAGGGTTTGGTGCTCTTGACTTTGCATCA
CTGCAAAACAAATAAATCGGATGTGCCTTTAGATATAGTTACCACCACATGCAAGTACCCA
GATTTTTTGCAGATGGCAGCTGAGCCTTATGGTGATTAAATGTTTTTTTCATTACGCAGG
GAACAAATGTTTGTAGGCATTTTTACAACAGGGCCGGTACCATGGGGGAGGATGTTCCG
GAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCGCGCCTCTGCTACAAGCTCACTA
TATGGGTCCACGCCTAGCGGGTCAATGGTTACTTCAGAGTCTCAGTTGTTTAAACAAGCCC
TACTGGCTACAACGTGCACAGGGCCGAAACAATGGTATCTGCTGGGGCAATCAGGTATTT
GTCATGTGGTAGATACCACACGACGACCAATATGACTATTTGTGCCACGCAACAGAA
AATGCCACATACAAAGCTTCCAATTTTAAAGGAATACCTGCGCCACGGAGAGGAATTTGAT
TTGCAATTTATTTTTCAGCTATGTGTTATTAATTTAACTGCCGAGGTTATGGCCTACCTA
CATAGTATGAATGCTGCTTTACTAGAGGACTGGAATTTTTGGGTGCTTGCCCCCCCCCTACC
GCCAGTCTTGGCGATACCTATAGGTTTTTACAGTCCCAGGCCATAACATGTCAAAAGCCC
TCCGCGGCGCCTGCAAAGAAAAAGGACCCTTACGATGGGCTTACGTTTTGGGATGTGGAT
TTATCAGAGCGCTTTTCCCTTGAGCTTGACCAGTTTCCCTTGGGTAGGAAGTTTTTGCTA
CAACATCGTACACGTGTGCGGTCTCCCTGTGTCCCGTAAGCGTCTGCACCATCGTCC
ACCCACACGACCACAAAGCGTAAACGGTCCAAGCGTTCCTAACTGTGTTGCTGCTGTGGG
TTGGGTGTACCTGTTGTTGTGTATATAATGTGTGTTGTACTGCATGTATGTACGTTGGTT
GTATGTGCTGTGACTGTGTGTGTATGGGGCGGGACCCCCCCTGGTATGTATGTTTCCTG
ATGCATGTTTGTGTGCATGTCTTATATATTAATAAATGTGTGTCATGTGTGGTTTGTGTC
CGGTTGCGCCTTGTGAGTAACTATACATTTATGTTGTGTAGTCCAGTCCCTGTGGCCCCG
TCATGCATACCCCCGCCCTTATAACACAGCGACCGATTTTCGGTCGCTGCTGGTTTCGGTC
GTCCACAACATGGCGCCTTGTGGCACTCTTTCGATAACAGTTAATCCTTTCCGCGCCAC
TTTTTTGTTTAAATGCAGGTGTGCATGCCTTTCTAAGGTGTGCCTGGCAGTTATTTGGCA
GGATATAAATGCATTTCCAAATGCATTTCTTAATCTATATTGTCTATGTTACTCACACTT
CAATAAACTATACTTTTAGGCACATAGTTTTATGCTGACTACTTTCACTTAAGTACCTAT
TTGGCAGGCAAACCTGCTTTGCTATTCAACAATGTGTCTTATATAATTGTTCAACAAATT
CAAACATGTGTTTACCACACCTATTCCGGTCGCTCCCACTACACATCTTACTCATTATTA
TAAATTATAATGGTTTTATTACAAAATAGGAGGGACCGAAAACGGTCCAACCGAA

>gi|71726685|gb|DQ080079.1|_Human_papillomavirus_type_68a,_complete_genome

ATGGCGCTATTTCAACCCCTGAGGAACGGCCATACAAATTGCCAGACCTGTGCAGGACA
TTGGACACTACATTGCATGACGTTACAATAGACTGTGTCTATTGCAGAAGGCAACTACAA
CGGACAGAGGTATATGAATTTGCCTTTAGTGACCTATGTGTAGTGTATAGAGACGGGGTA
CCATTTGCTGCATGCCAATCATGTATTAAATTTTATGCTAAAATACGGGAACCTACGATAT
TACTCGGAATCGGTGTATGCAACTACATTAGAAACCATAACTAATACAAAGTTATATAAT
TTATTGATAAGGTGCATGAGTTGCCTGAAACCATTGTGTCCAGCAGAAAACTAAGGCAC
CTAACAAACAAAACGAAGATTACATAAAATAGCAGGAAACCTTTACAGGACAGTGTGCGCAC
TGCTGGACCAAGTAAGCGAGAGGACCCGACGACATACGTCAAGAAACACAAGTTTAAAGTA
ACTATGCATGGACCAAAGCCACCGTGCAGGAAATTGTGTTAGAGCTATGTCCATACAAT
GAAATACAGCCGTTGACCTTGTATGTCACGAGCAATTAGGAGATTACAGACGATGAAATA
GATGAACCCGACCATGCAGTTAATCACCCACCAACATCTACTACTAGCCAGACGGGACGAA
CAACAGCGTCACAGAATTCAGTGTCTGTGTTGTAAGTGTAACAAGGCACTGCAACTAGTA
GTAGAAGCGTCGCGGGACAACCTGCGGACACTACAACAGCTGTTTATGGACTCACTAAAT
TTTGTGTGTCCGTGGTGTGCAACTGAAACCCAGTAATCTGCAATGGCCAATTGTGAAGGT

ACCGATGGGGACGGGACGGGGTGTAAACGGATGGTTTTTTTGTAGAAGCAATAGTAGATAAA
CAAACAGGTGACACAGTCTCAGAGGATGAGGACGAAAACGCAACAGATACAGGTTTCAGAC
ATGGTAGATTTTATTGATGATTCTACACATATTTGTATACAGGCAGAGCGTGAGACAGCA
CAGGTACTTTTGAATATGCAAGAGGCCCAAAGGGATGCACAAAGGGTGCGTGCCCTAAAA
CGAAAGTATACAGACAGTATAGAAAGCAGTCCTTTAGCAAAGTCGCCATTACAGGAATTA
TCACTAAATGTAAGCAGTACACAGGCAAGACAACCGGCGTATACAGTGCCGGACAGCGGC
TATGGCAATATGGAAGTGGAACCTAACTCGGAGGTAAGTGTAGCACCTAATATAAATGGG
GAGGATGGGGAAAAATGAAGGGGAAAAATGGCGACAGTATACGGGAGGACTGTAGTAGTGTG
GACAGTGCTATAGATAGTGAAAACAGGATCCCTAAATCACCTACTACCCAACTTAAAGTA
TTATTACAATGTAACAATAAAAAAGGCTGCAATGTTAACAGAATTTAAAAAAGTATATGGA
TTGTCATTTAATGACCTGGTACGTACATTTAAAAGTGATAAAACCACATGTACAGACTGG
GTAGCAGCAATATTTGGAGTAAATCCAACCATTTGCGGAAGGGTTTAAAACTAAT'AAA
CAATATGCATTTGTATACCCATATACAATGTTTAGATACAAAACTGGAATATTAATACTA
ATGCTAATAAGATACAAATGTGGAAAAAATAGAATAACAGTAGGAAAAGGATTGAGTACA
TTGTTGCATGTTCCAGACAGCTGTATGCTTTTGCAGCCACCAAATTACGTAGCCCTGTT
GCAGCATTATATTGGTATAGAACAGGAATATCTAATATTAGTGAGGTGTGTGGCGACACG
CCGAATGGATAAAAAGATTAAACCATAATACAACATGGAATAGATGATAGTGTATTTGAT
TTATCAGACATGGTACAATGGGCATTTGATAATGAGTTAACAGATGACAGTGATATAGCA
TTTCAATATGCTATGTTAGCAGATTGTAATAGTAACTGCTGCAGCGTTTTTAAAAAGCAAC
TGTC AAGCAAAAATATGTAAGAATTTGTGCAACAATGTGTAGACATTACAAACGGGCGCAA
AAACGACAAATGACAATGCCACAATGGATTAAATTTAGATGCAGTAAATGTGACGAAGGC
GGTGATTGGCGCCCAATTGTACAATTTTTTAAGATATCAAGGACTGGAATTTATAACATTT
TTATGTGCATTAAAAAGATTTTTTTAAAAAGGCACGCCAAAACGAAATTGTATAGTTATACAT
GGGCCGCCAAAATACAGGCAAGTCATATTTTTTGCATGAGCCTTATACATTTTTTTACAAGGC
ACAATAATTTTCATATGTAAATTCAGCAAGTCACTTTTTGGTTAGAGCCACTTGCAGATGCA
AAAATAGCCATGCTAGATGACGCAACAGGTACATGCTGGTCATATTTTGATAATTACATG
AGAAATGCATTAGATGGTAACCCAATAAGTTTAGATAGAAAACACAGACACCTAATACAA
ATAAAGTGTCCACCAATGCTAATAACATCCAATACTAACCCTGTAGAAGACAATAGGTGG
CCGTATTTACATAGTAGACTAACCGTGTTTAAATTTCCCTAATGCATTTCCATTTGACCAA
AACAGGAACCCAGTGTATACAATCAATGATAAAAACCTGGAAATGTTTTTTTGAAAAGACT
TGGTGCAGATTAGACTTGCAGCAGGACGAGGATGAAGGAGACAATGATGGAAACACTTTC
CCAACGTTTAAATGTGTTACAGGAGAAAAATATTAGAACATTATGAACAGGACAGTAAATG
TATACAGGACCATATTAACCTATTGGAATTGTGTGCGACTGGAAAATGCAATATATTATGC
AGCACGAGAACGTGGTATGCATAATATTGACCACCAGGTGGTGCCGCCTGTAAACATTTTC
AAAACTAAAGCATATCAAGCTATTGAACTGCAGATGGCACTAGAGAGCCTTGCTAAAAC
TGCATATAGTGCAGAGGAGTGGACATTAAGGGACACAAGTAATGAACTATGGCATACAAA
GCCAAAGCAATGTTTTTAAAAAACATGGTGTTACAGTGGAAGTATGGTATGATGGGGACAA
GAGTAACTCAATGCATTATGTAGTGTGGGGTACAATTTACTTTAAAAACAGTACAGACAC
ATGGTGTA AAAACCAAGGGCGTGTGGATTACTGGGGTGTATATTATATGTATGAACAACA
AAAAACCTATTACGAAAGGTTTATGCAGGATGCACAACCTATATGGGACTAGTGGA AATG
GGACGTGCATTATAATGGCAACATAATCCATTGTCCTGACTCTATGTGCAGTACCACTGA
CGGAAAAGTATCCACTACTGAATCTGTTGCCGACCTACAGAACACCACCGCGACCCATAC
CACC GCAGGTGCCCCATGCACCAAAAAAACAACCTCGACGTCGTCTCGGAAGTATCCCAG
ACAGTGCGGAATCACTGAGCCCTCTGAGCCCGACAACGTGTCCGTGGACGGTGTGACCT
CCCCTCCTCAGTAGAAGTGCAGGCCAAAACAAAAGACGGAGCCTTTGTTGTGGTGACAC
TACACCTATAGTGCATTTAAAAGGTGACAAAAATGGATTAAAATGTCTTAGGTATAGGTT
GCAAAAACATAACGCTTTGTATGACAATATATCATGTACATGGCATTGGATAAGGGGTAG
GGGATCAACCAATACAGGTATATTGACTGTAACATATGTTTCAGAAGCACAACGTGACAA
GTTTTTTGGAAACTGTTAAACTACCATCTAGTGTAACCTGTGTCATTGGGGTATATGACATT
ATAAGTGTGTATTGACCCACACTGTACACTATATGTATATTGTATACATATGCTTGTATT
GGTATTTTGGTGTGGTTTTTGTGTATGCATGTATATATGTTGCACTGTCCCGCTTTTGCA
GTCTGTGCATGTGTGTGTGTATGTGTGGATATTTGTGTTTGTGTTTATATTAGTTAGAAC
TACACCATTTGAGGTGTTTGCTGTATACCTACTTTTTTTTTTATACTGCCTATGTGGTTATT
ACACAGTCTTACTCTTAATACTATACAGTAACTGTTATAGTGTGCATTTGTATTGTTGTT
TATTTGTATAAATAAATATGGTTTTCACACCGTGCTGCCAGGCGCAAGCGTGCATCTGCAA

CTGACTTATATAAAACATGTAAACAATCAGGGACATGTCCTTCTGATGTTATAAATAAGG
TTGAAGGTACTACACTTGCAGACAAAATATTACAATGGACAAGTTTAGGTATATTTTTGG
GTGGCCTGGGTATAGGTACTGGCTCTGGCACCGGAGGTCGTGCTGGGTACATTCCCTTTAG
GTGGAAAACCTAATACTGTTGTGGATGTGTCGCCTGCACGTCCACCTGTGGTTATTGAAC
CTGTGGGTCCCTACGGAACCTCCATTGTGCAATTGGTGGAGGATTCCAGTGTTATTACAT
CTGGGACACCACTACCAACATTTACAGGCACCTCTGGGTTTGAAATTACATCTTCGTCTA
CCACTACACCGGCAGTTTTAGACATTACCCCTTCGTCCGGGTCTGTGCAGGTAAGCAGTA
CTAGTTTTACTAACCCTGCATTTACAGACCCGACTATAATAGAAGTGCCACAAACAGGTG
AGGTGTCTGGTAATGTGTTTTGTAAGTACCCCTACATCAGGAACACATGGATATGAGGAAA
TACCTATGCAGGTATTTGCAACACATGGCACTGGTACAGAACCTATTAGTAGTACTCCTA
TACCTGGGGTTAGTCGTGTGGCAGGGCCACGTTTATATAGTAGGGCACATCAACAGGTTT
GTGTTAGTAATTTTGATTTTGTAAACGCACCCCTTCATCATTGTGTAACATTTGATAATCCTG
CTTTTGAGCCTGTTGATACTACTCTTACATATGAACCTGCTGACATAGCTCCTGATCCGG
ATTTTCTGGACATTGTTTCGTTTACATAGGCCTGCCTTAACATCCCGAAGAGGAACAGTAC
GTTTTAGCAGAGTAGGCAAAAAGGCGACCATGTTTACACGCCGAGGTACACAAATTGGGG
CACAGGTGCACTATTATCATGATATTAGTAACATTACCCCTGCTGACAGCATTGAACTAC
AACCATTGGTTGCCCCGTGAGCAGGCGGACCCCTATGGATAACTTATATGATATATATGCAC
CTGATACTGACAATACTACAGTATTAGATACTGCATTTTATAATGCTACATTTACTACTC
GTTCCACATATCAGTTGCCTTTCATTGGCTTCTGCTGCATCCACTACATATACTAATACTA
CCATTCCTCTTGGTACTGCTTGGAAACGCCTGTAAATACTGGTCCCTGATGTTGTATTAC
CATCTCAACCCACAGTTGCCTTTAACACCCCTCTACTCCAATTGATAACAACCTTTGCCA
TAACTATATATGGTTCCAATTATTATTTATTACCATTGTTATTCTTTTTATTAAAAAAC
GTAAACACCTTCCTTATTTTTTTTACAGATGGCATTGTGGCGAGCTAGCGACAACATGGTG
TATTTGCCTCCCCCTCAGTGGCGAAGGTTGTCAATACAGATGATTATGTGACACGCACT
GGCATGTATTACTATGCTGGTACATCTAGGTTATTAAGTGTAGGCCATCCATATTTTAAG
GTTCTATGTCTGGGGGCCGCAAGCAGGGCATTCCTAAGGTGTCTGCATATCAATACAGA
GTGTTTAGGGTTACCTTACCTGATCCTAATAAATTTAGTGTTCCTGAGTCTACATTATAT
AATCCAGATACACAGCGCATGGTATGGGCCGTGTTGGTGTGAAATAGGTAGGGGGCAG
CCATTGGGCGTTGGCCTTAGTGGGCATCCACTATATAATAGGCTGGATGATACTGAAAAT
TCCCCGTTTTCTCTAATAAAAATCCTAAAGACAGTAGGGACAATGTTGCAGTGGACTGT
AAACAAACACAGCTGTGTATTATAGGCTGTGTTCTCTGCTATTGGCGAGCACTGGGCCAAA
GGTAAATCTTGTAAGCCTACCAATGTACAACAAGGGGACTGTCCCCCATGGAATTGGTA
AATACTCCTATTGAGGATGGCGATATGATTGATACAGGATATGGTGTATGGACTTTGGT
ACATTACAAGAAACGAAAAGCGAGGTACCTTTGGATATATGTCAATCTGTTTGCAAATAT
CCTGACTATTTGCAAATGTCTGCAGATGTGTATGGAGACAGTATGTTTTTTTGTTTACGT
AGGGAACAGTTATTTGCCAGGCATTTTTTGGAATAGGGGAGGCATGGTAGGGGACACTATT
CCCACTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGTGAAACTCCTAGTAGTTATGTGTAT
GCCCCCTCGCCTAGCGGTCTATGGTGTCTCTGACTCCCAGTTATTTAACAAGCCCTAT
TGGCTGCACAAGGCACAGGGACACAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAATTATTTCTT
ACCGTTGTGGATACAACGCGCAGTACTAATTTTACATTGTCCACTACTACAGACTCTACT
GTACCAGCTGTGTATGATTCTAATAAATTTAAGGAATATGTTAGGCATGTTGAGGAATAT
GATTTGCAGTTTATATTTTCAAGTTGTGTACTATAACATTATCCACTGATGTAATGTCATAT
ATACATACTATGAATCCTGCTATTTTGGATGATTGGAATTTTGGTGTGCCCCCTCCACCA
TCTGCTAGTCTTGTAGATACATAACCGCTACCTACAATCAGCAGCAATTACATGTCAAAAG
GACGCCCCCTGCACCTGTTAAAAAAGATCCCTATGATGGTCTTAACTTTTGGAATGTGGAT
TTAAAGGAAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTTCCATTAGGACGCAAAATTTCTGTTA
CAGGCAGGTGTTTCGACAGCGGCCACCATAGGCCCTCGTAAACGCACTGCCACTGCAGCT
ACCACATCTACCTCTAAACACAAACGTAAACGTGTGTCAAATAAATTGTTATATGTCTTG
TTTTGTATGTTGTTTGTCTGTGTGGTTGTATATGTGTGTTGGTGTGTTGGTATGTTGTG
TATGTGATGATGATGTTGTATGTTGTATGTTGTATGTTTGCAGTATGTGTATATAATCTGT
TTTTGTAAATAAAGTATGTATGTCCGTGCTTTTGTGGTTGCACCTGTGACTAACATAT
GTCCTTGTTTTACATATAATAGGACTGCAACATTTTCATACATAATTTGTAGCCCTACCCT
AAGGTGTGTTACATTATATGCAATATATTTATGGTTGCAAACTATACCGTGTGGCCATTT
TGTATGGCCGGGTTGTGTGCGACCGCTTTTCGGTCGTTGGTACTATTTGCTTTTAGATAGT
ATTAACACCTATGTGTTTCAGCAAAAACATGTTTTACCTTGAGTTACCCACATAGTTGGC

ACCAGTAACAGTCGTACTGGCGCACCTTAGTTAGTCATCATCCTGTCCAGGTGCACTGCA
ACAATAGTTTGGCAACCAACGTATCTCCTCCCTTGTAATAAACTGCTTTTAGGCATAAA
GTTTTAACTGTTTTTGCTTGCCTAATAGCATAGTTGGCCAGTATAACTACTTTTGCATTC
AAGAATCTGTCTGGTAGTGTAAGTTATACAGTGACTAATACTACATCCATAAATTTGTGC
AACCGAAAAAGGTTGGGCACACATACCAATACTTTTACTTATAACATTTTACAATTATTC
TATATAAAAAAAGGGTGGGACCGAAAACGGTCACGACCGAAAACGGTGTATATAAAGCTG
AACACAGCAGTTCTCTATACTA

>gi|2911565|emb|Y15176.1|_HumanPapillomavirus_type_80_E6,_E7,_E1,_E2,_E4,_L2,_a
nd_L1_genes

CAAGACACTTGGCAGTACATTTTCTTGGAACACAGCACCGATAACGGTAAGATTATATCT
GTGAACCGTAGGCGGTACTTTCTGATTGGTTTGGATGATAGTAGTTAACAACAATCACTC
TTTATAAAATAAATGTAACCGCTGCGTTACCTTACTTGATCTAAATACAATATGCTGACT
AAACTTTTTAGAGAGCTATATGGATAGGCCAAAGCCTTCTTCTGTGCAGGAGCTTGCAGA
CACTCTTTGTATACCTTTAGTAGATATTTTATTGCCGTGTAGGTTTTGTCAAAGATTTTT
AACTTATATAGAGTTAGTAAGTTTTGATCGCAAATGTTTGCAGTTGATTGGACTGAAGA
AGACTTTGTCTTTGCTTGTGTAGCAGTTGTGCTTTTGTACTGCACAATTTGAATTTTC
TACATTTTATGAACAGTCAGTGTGTGGTTGGGAGATTGAGGTAGTTGAGCGAAAAGCTGT
TGGAGACATTACTATTCGTTGCAAATTTTGTTTAAAGAAATTAGATTTAATAGAAAAGTT
AAATATTTGTTACAACAGCAGCAATTCCATAAGGTAAGGCGCAATTGGAAAGGATTGTG
TAGACATTGTGGTTCGATAGAATGATTGGGAAAGAAGCTACTATACCAGATATAGAGCTT
GAGCTGCAAGAGCTTGTCCAGCCCAGCTGCATTGCTACGAAGAGTTAAGTGAAGAA
GAGACAGAGGAGGAGCCACAACATATTCCATACAAGATTGTAGCTCCGTGTTGCTTCTGT
GAATCCAAGCTTCGACTAATAGTGGTTGCAACTTCTTTTGGAAATTCGCGCACAGAAGAG
TTACTATTTGGAGAAGTTAAGTTGGTGTGTCCAGGGTGTGAGAGAAAACCTCGCCATGTC
TGACGAAAAAAGGTACTAAATATGATCCTAAGGAAGGATGTAGTGAATGGTTTGATCTAGA
AGCAGAATGCTCTGATGCTAGTTTAGATGGTGATTTGGAAAAGTTATTTGAAGAAAATAC
AGATACTGACATTTCTGACTTAATAGATAATGAGGACACTATACAGGGGAACTCCCGCGA
ATTATTATGCCAGCAAGAAAGTGAGGAAAGCGAGCAACAGATACACTGGCTAAAACGAAA
GTATATCAGTTCACAAGAGGTTTTGCAGCTTAGTCCTCGTCTGCAGTCTATTTCCATTTTC
GCCACAGCATAAATCTAAAAGGAGATTATTTGAACAAGACAGCGGACTAGAACTGTCATT
TAATGAAGCTCAAGATTTTACTCAGCAGACTGTGGAGGTACCGGCGACCGATTCTGTGCC
GCCAGAACAGGGTGCCAAGGGACTGGGAATTGTTAAAGATCTTCTAAAATGTAGCAATGT
AAAAGCAATGTTATTAGCTAAGTTTAAAGAAGCTTTTGGAGTGGGATATATGGAATTAAC
TAGACAATATAGAAGCAGCAAGACATGCTGCAGAGACTGGGTATTAAGTGTGTATGCTGT
ACAAGACGAACATTAGAAAGTTCCAAACAACTTTTAATTACGATTGTGCTTATATTTG
GTTGCATCAAATACCTCCTATGTGTTTATATTTATTGTGTTTTAATGTTGGAAAAAGTAG
AGAAACAGTATTAAGATTGCTAACTAATCTTTTGCAAGTATCAGAAGTACAAATAATAGC
TGAACCGCCAAAACCTTAGAAGTACATTGTCAGCATTATTTTGGTATAAAGGTAGTATGAA
TCCTAATGTTTATGCTCATGGAGAGTATCCTGAATGGATAATGACGCAGACAATGATAAG
CCATCATACAGCAGAAGCTACACAGTTTGATTTATCTACTATGGTACAGTATGCATATGA
TAATGAGTTAACAGATGAAGCAGAAATTGCCTATCATTATGCCAAGCTTGCAGATACAGA
TGCTAATGCTAGAGCATTTTTACAACATAATAGTCAGGCAAGATTGGTAAAGGACTGTGC
AATTATGGTTAGACATTATAGACGAGGTGAAATGAAAGAAATGTCAATGTCTGCATGGAT
ACATAAAAAATTAGCGTTGTGGAAGGGGAAGGACATTGGTCAGATATTGTAAAGTTTAT
TAGATATCAAGAGATTAATTTTATTCAGTTTTTAAATGCGTTTAAATTGTTTTTACACAA
TACTCCAAAGAAAAGCTGCTTGCTATTTTATGGGCCCTCTGACACAGGGAAATCTATGTT
TACTATGTCTTTAATAAAGCTTTTAAAGGGAAAGGTTTTGTCAATTTGCGAATTATAAAAG
TACCTTTTGGCTTCAGCCTGTTGCAGACACAAAAGTGGCATTGATAGATGATGTAACATA
TGATGTTGGGATTATATAGAACAGTATTTAAGAAATGCATTAGATGGTAATACTGTTTG
TTTAGATATGAAACATAGGGCGCCATGTCAAATTAGGTTTCCACCATTAAATGTTAACGTC
CAACATTGATATTATGAAAGAAGAAAAATATAGATATTTATACAGCAGGATTCAGCGTT
TGCATTTCCACATAAGTTTCTTTTGATAGTGATAATAAGCCTCAATTTAACTTACTGA
CCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGAGACAGTTAGATCTCAGTGATCACGA
AGACGAGGGAGACGATGGATACTCTCAGCGAACGTTTCAATGCACTACAAGAGAATCTCA
TGGACATTTATGAGTCAGGTCGAGACGACATAGAACTCAAATAATGCATTGGCAATATT

TGAGGCAGGAACAAGTCTTATTTTATTTTGCCAGACAGCATGGAGTTATGCGTTTAGGAT
ATCAACCTGTACCCCTTTAGCCACCAGTGAGGCTAAAGCTAAAGACGCTATTGGCATGG
TGATCTTATTGCAAAGTTTACAAAAATCACAGTATGGCAAGGAGCCATGGACATTAACAC
AACTAGTTTGGGAGACTGTAAGAAGCGCACCTGCAAACCTGCTTTAAAAAAGGTCCACAAA
ATATTGAGGTCATGTTTGACAATGATCCTGAAAACCTTATGGTTTATACTGTCTGGTCCC
ACATTTATTATCAGACTTTAGATGATACATGGAAGAAAGTTGAGGGGAAAGTTGACTATC
ATGGTGTCATATTACTTGGAAGGAACTTATAAAAACTATTACATTCAGTTTGAAATTGATG
CTGCCAGATTTGGCAAAACTGGAATCTGGGAAGTGTCATGTTAATGAGGACACTATCTTTG
CTCCTGTTACTAGCTCTTCGCCGGCAGCTGGAGAGGGGACAGCAACCTCCATCAACCCCG
CATCCCAATCGCCGGCCAACGGACAGCCACTGCCACTGCCACCTCCGTGTCCACCAGAA
AACGGACACCACCACGAACCGAAAGCAGACGGTACAAGCGAAAAGCATCTAGCCCTACAA
CCACCACCACCCGGAGGCAAAAGAGACAAGGACAAAGACAAGAAGACTCAACAAGGCGAT
CAAGGTCCACCTCAAGGGGAGACAACAAATCCCCAGGGGAGGGGACCGGCGCAGACGGC
GACGATCCCGAGAAACCTCCACCTCCTCCGAGCGGGGAAGGGGAGGGAGAAAGTAGAAGGG
GGCCCAACAACGATCCCAATCAAGGTCCCTCTCAAGATCCAGATCCCGATCCAAATCGA
GATCAGGAGGGTCTTCTTCAGGGGGTGGCATTTGCGCCTGCAGACGTGGGAAGTTTCAGTTC
AATCACTTGGTAGACAACATAATGGGCGACTTGAAAGATTACTGGAAGACGCTAGGGACC
CCCCAGTAATTGTGCTACGTGGAGATGCTAACAAATTGAAATGCTTTCGCTTCAGAGCTA
AGAAAAAGTATAGGGACTTAGTTAAATATTATAGTACCACATGGTCATGGGTAGGGGGTA
CAACTAATGATAGAAATTGGACGTTTCACGGATGTTACTTGCATTTACTTCAAACACTGAGA
GACAGCTTTTTATTAAACATAATGAAATTACCACCAGGTGTTGATTGGTCATTAGGATCTT
TAGATGATTTGTAGCCCATGTGCCTGTAATTAACATAACAAGCGCTATTTTTTGCTTTTGC
TACTAACATTTACTAACATTCTCATGGCCCGTGCACGTAGAGTAAAAAGTGCATCTGTA
ACTGACATCTACAGGGGTTGCAAGCAAGCAGGTACTTGCCCCCTGATGTTATTAATAAA
GTGGAACAAACAACCATTTGCAGATCAAATTTTAAAGTATGGAAGTGGTGCTGTTTTTTTT
GGTGGGCTGGGAATCAGTACAGGCCGTGGTTCAGGTGGTGCAACAGGATATATTCCTTTG
GGAGAAGGCCCTGGGGTGCGCGTAGGAGGCGCCCCACCATAATTCGCCCTGGGGTCACA
CCTGAACCTATTGGTCCAGCGGATGTAATACCAATTGACACAGTCACACCAATTGACCCT
ACAGCACCTAGTATTGTCACAATAACTGACAGCAGTGCTGTTGACCTTTTACCTGAATTA
GAAACAATTGCAGAAATACACCCTGTGCCAACAGATACTGTGGATATTGATACTCCTGTT
GTTACAGGAGGTTCGGGATTCCAGCGCTATTTTGGAGGTTGCTGATCCCAGTCCCTCCTGCA
CGAACAAGAGTGTCTCGCACACAATACCATAACCCTGCATTTTCAGGTTCTAACTGAGTCT
ACACCTTTATCTGGTGAATCTGCTTTATCAGACCATGTTATTGTTTTTGAAGGCACTGGA
GGCCAAAATATAGGTGGTTCTCGCAGCACAGCTATAGAACCAGCACAAAGAAAGTTTTGAA
ATGCAAACATGGCCTAGTAGATATAGTTTTGAAATAGAGGAAGGTACACCACCTAGGTCT
AGCACTCCTGTTCAAAGAGCAGTTCAGTCTCTTTCAAGTCTTCAAGAGCTTTATATAAC
CGAAGATTAACGAACAAGTAGCTGTTACAGATCCACTGTTTTTAGGAAGGCCATCACGC
TTGGTACGATTTTCAGTTTGACAACCTGCCTTTGAGGAGGAGGTTACACAAACATTTGAA
AGAGATTTAGAGTCATTTGAGGAGCCACCTGATAGACAGTTTCTAGATGTAGTTCGTTTG
GGTAGACCTACATATTCTGAAACTCCTGAAGGCTATGTCCGTGTCAGTAGACTTGGTAGA
AGAGCCACTATAAGGACCAGAAGCGGTGCACAAGTTGGAGCTCAGGTTTCATTTTTATAGA
GATCTTAGCACTATAGACTCTGAAGCATTGGAAATGCAATTGTTAGGAGAACACTCAGGG
GATAGCACCATTTGTACAGGCTCCTATGGAGAGTTCATTTATTGATATAAAATATTGATGAG
CCTGAGCCATTAAATGTAGGCCTGCAGGAAACAACTGAAGCAGATGATATAGATTATAAT
TCTGCTGATTTATTACTAGAAGATCATATAGAAGATTTTAGCGGGTCTCAATTAGTATTT
GGTAATGCAAGGCGTAGTACTACTACATACACAGTTCCTCGATTTGAGTCTCCTAGAAAT
ACTGGATTTTATATTAGGATGTTTCAGGGCTATAATGTAGCTTATCCAGAGTCCCGTGAC
ACCACAGAAATAATTTTACCACAATCAGACACACCAACTGTAGTGATTAAATTTGAAGAT
GCTGGTGGGAGTATTATTACACCCAAAGTTTAAAAAGACGTAAACGAAAACGCAAATAT
TTGTAATGTTTATACAGATGACCTTGTGGCTTCCGGCGACGGGTAAAGTGATTTTACCAC
CAACACCCTGTAGCACGTGTACAAAGCACCAGTGAATATGTGGAAAGAACTAATGTAT
TTTACCATGCCATGAGTGATCGCCTTTTAAACAGTTGGGCATCCCTATTTTGATGTTAGAT
CTTCTGATGGAGCTAAAATTGATGTTCCCAAAGTGCTGTGGAAATCAATACAGGGCATTTA
GGGTACATTTCTGATCCAAATAGATTTGCTTTAGCAGATATGTCTGTTTATAATCCAG
AAAAAGAAAGGTTGGTTTGGGCCTGTGCAGGCCTAGAAATAGGCAGAGGACAACCATTAG

GTGTAGGCACATCAGGCCACCCTTTATTTAATAAAGTTAAGGACACAGAAAAATAATAGTG
GCTACCAGGGAGGTTCTACTGATGACAGACAGAATACTTCCTTTGATCCAAAACAGGTTTC
AAATGTTTATAGTAGGATGTGTTCCCTGTTTAGGGGAACATTGGGATAGAGCTCCTGTTT
GTGCATCAGAAGAAAATAACCAAGCTGGAAAATGTCCTCCATTAGAACTTAAAAATACTG
TGATTGAAGATGGAGACATGTTTGATATAGGCCTTGGTAATATAAATAACAAAGTGTTAT
CGGTTACTAAGTCAGATGTCAGTTTAGACATAGTGAATGAAACCTGCAAATATCCAGATT
TTTTAACTATGGCCAATGATGTATATGGCGATGCATGTTTCTTTTTTGCAAGACGAGAGC
AATGTTATGCTAGACATTATTTTGTTAGAGGAGGTGCAGTAGGCGATGCTATTCCTGACG
AAGCTGTCAATCAGGATCATAACTTTTATTTACCAGCACAAACAGGCCAGCAACAACGTG
TTTTAGCAAAATTCACATATTTTCTACTGTTAGTGGCTCTTTAGTAACTTCAGATGCTC
AATTATTTAACAGACCGTTTTTGTTACGAAGGGCACAAGGCCACAACAATGGAATATTGT
GGGGGAATCAAATGTTTATTACTGTTGCTGATAATACAAGAAACACTAATTTCCACCATAA
GTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAATATAATACACAAAATATTAGAGAATTTT
TAAGGCATGTAGAAGAATATCAATTAGCTATTATATTACAACATATGTAAAGTGCCTTTAA
AGGCTGAGGTATTAACACAGATAAATGCAATGAATGCAGGTATTTTAGAAGAGTGGCAAC
TAGGGTTTGTCCACACCAGACAATGCTGTGCATGATATTTACAGATATATTGACTCTA
AAGCTACTAAATGTCCTGATGCAGTTGCTCCAAAGGACAAAGAAGACCCATTTGGAAAAT
ATACATTTTGGAAACGTAGATTTTAACAGAAAAATTGTCTTTAGATTTAGATCAGTATCCTT
TAGGAAGGAAATTTATATTTTTCAGGCAGGTTTACAAAGACGTCCCAAAACCATCAGATCCTT
CTGTAAAGGATTTCTAAAGGTACCAACGCACAAACGCACATGACCGATTTTCGGTTTCTAATA
AACAAATAAACTAATAAAGGTATGTGAAGTATTTTTTACCATGTTTCGTGACTAAACCGTAT
AGGTCATTGCCAACAACCGCACCCGGTTAATCAGATATAAAGTGCACCTGGTGCGATTTT
ATCACCGCTTTTGTGGAAGCACCCGAGGCGCCCGCCAGAAGTCTGCTGC

>gi|2911558|emb|Y15175.1|_HumanPapillomavirus_type_77_E6,_E7,_E1,_E2,_E4,_L2,_a
nd_L1_genes

TATAAACTATAACCTTTATATTTAAAAAGTAGGGAGGGACCGAAAACGGTACGACCGAATG
AGAGACATATAAAAAGGCGTCAGTACAGCCTGGCAGTAGCTATGTCTACAAGTGATGGAC
GTCCAAAAAACATATTCCTGTTGTGCAGAGACAGTGAATACCGTTTCGACGACCTTCGCC
TACTGTGTGTGTTCTGCACAAAAGAATTAATACTACTGCTGAACTGGCAGCATTTACAATTA
GAGAATTAAATGTGGTGTGGAGAGGTGGGGCGCCGTACGGTGCATGTGCACGGTGTTTAC
TGCTATATGGCATTGAGCGGCGCCTGAAACACTGGGAGTATTCTACTACGTGGACGGCG
TGGAGGCAGAAACAAAAGAATCCATAGATACCCAGCAAATCAGATGCTACATGTGTCACA
AACCCTCACCAAAGAGGAAAAGGACAAACATCGAAACGAAAAGCGAAGACTACATAGAA
TCTCCGGACACTGGAGAGGGAGTTGTCTGCATTGTTGGTCACGATGCATGGGCCAAAGCC
GACAGTAAAAGATATTGAATTGGATCTTGCACCAGAGGCCGTCCCTTTACTATGCAATGA
GCAATTAGACAGCTCAGATGAAGAAGATTGTATAGATGTTGTGGAACCAGCACAAACAGGC
GTACAGGGTGGTAACCTTTGTGTACAAAGTGTAAGTTCAACACTGCGACTGGTGGTAGAGAG
CAGCGAAGCAGATATAAGGGCATTCCAGGAGCTCCTACTACGCACATTGAAGATCGTGTG
TCCTCGCTGTGCGTAACGGGTTCATGGCTGATAACTCAGGTACAGAGGGGGAGGAGGAGGA
CTGTTTCAGAGGCGGAACGGGCTGGGGGATGGTTTATAGTTGAGGCCATTGTAGATAAACG
TACGGGGGACACAATATCCAGTGATGAGGATGAGGAGGGTGAGGGTGAAGACATGGTAGA
CTTTATAGACGATAGACCTATAGGGGACGGACAGGAAGTAGCACAGGAACTGTTGCTGCA
GCAAGCAGCTGCGGATGACGATGTAGCAGTGCAGGCTGTAAAACGAAAAGTTTACTCACAG
TCCCTATTTACAGCCCTTTGTGTGTGGATCCAGCATAGAACATGAGTTAAGTCCCAGGCT
AGATGCCATAAACTGGGCCGAGAGTCCGCAAAGGCCAAGCGGAGGCTATTCCAACCTACC
GGACAGTGGGTATGGCCAAACACAGGTGGATACGGACTCGGGACCAAGCCAGGTACAAGA
TATTTGTGAGGCGGGAGGACAAGATGGCCGCCAAACCAATACGGAGGGGAGTGGTACAGA
GCAAGGGGAAAAATGTCAGCGAGAGGAGGAGCGTGCAGGAGGGGATGGGGAGGAATCGCA
ACCCCTAGAGTGCGAAGAACAGAGAGAGGAGCATGTGGTGTGTTGTCTATACTGAAAGCTAG
TAATCAGAGGCAACTCTACTAGGTAAGTTTAAAGAGCAATTTGGACTGGGATATAATGA
ACTGGTAAGGCATTTTAAAGTAATAGGACAGCATGTGCAGATTGGGTAGTGTGTGATT
TGGGGTATACTGCACAGTGGCTGAGGGTATAAAACAGTTAATACAGCCACTATGCGATTA
TGCACACATTTCAAGTGCTACCCTGTGCTAGTGGGGGATGACAGTGTTGATGCTACTGCGGTA
CAAACGTGCCAAAAACAGAGAGACAGTTGCAAAGGGCTTAAGCACGTTATTAAATGTGCC
AGAAAGCCATATGTTGATTGAACCACCCAAGTTAAGGAGTGGCCCAGCAGCATTTGTATTG

GTATAAGACTGGTATGTCTAATATTAGTGAAGTGTATGGAGACACTCCGGATTGGATAGT
AAGACAAACAATTGTGGGACATGCTTTAGAAGAGACACAGTTTCGGTTATCAGACATGGT
ACAGTGGGCATACGATCATGACATAACAGACGAAGGAACGTTGGCATATGAGTATGCATT
AATAGCTGAGTTCGACGCTAATGCAGCAGCATTTCCTTGCCAGCAATTGTCAGGCCAAATA
TGTGAGGGACGCCTGCACAATGTGTAGACATTACAAACGGGGAGAGCAGGCACGTATGAC
TATGTCCGAGTGGATAAAAATTCAGAAGTGATAAAATACAGGGCGACGGGAACCTGGAAACC
CATAGTACAGTACTTAAGATATCAGGATGTAGAATTTGTACCATTTTTATGTGCCTTAAA
GTCTTTTCTACAAGGCATACCCAAAAAAGCTGTTTAGTCTTTTATGGGCCTGCGGACAC
AGGAAAGTCATATTTTTGCATGAGTTTGCTAAGATTTATGGGCGGTGCTGTTATTTTCATA
TGCTAATTCAACCAGCCATTTTTGGCTGCAGCCATTGTCTGAAGCCAAAAATGGGTTTACT
GGACGATGCAACCAGTCAATGTTGGAACATATAGATACATATTTGAGGAATGCATTAGA
TGGGAACGTAATATGTATTGATAGAAAACATAGGTCCCTGTTACAACATAAAATGCCCCGCC
ACTTTTAATAACCACCAATGTAAATCCATTGGAGGATGAGAGATGGAAGTATTTGCGCAG
CAGACTGCAGGTGTTTACATTTAAAAACAAATTTCCAGTAACAAGTAGTGGAGACCCACT
TTATACACTAAATGATCAAAATTGGAAATCGTTTTTTCAAAGGTTATGGGCACGTTTAAAG
ACTTACCGATCCTGACGACGAGGAGGAAAAATGGAGAACCTAGCGAGCCGTTTAGATGCGT
GCCAGGACAAAAATGCTAGAACTCTATGAAAGAGATAGCGACAAACTTGAGGACCAGATAA
TGCCTGCTGCTTATGCGCCTAGAGAGTGTGTTGTTGTATAAAGCAAGAGAATGTGGAA
TGACACATATAGGCCACCAGGTGGTGCCAAACACTTAGTGTAGCCAAAGCAAAGGCATGCA
GTGCCATTGAAATGCATGTAGCCTTACAACAATTGCAACGAAGTGCATATGCACATGAAC
CATGGACACTACGGGACACCTCAGCAGAAATGTGGGATGCAGCCCCCAAGAGGTGCTGGA
AAAAAAGAGGAGTGACTGTGGAAGTTAGATATGATGGAGACGAGACCAAAGCAATGTGCT
ATGTACTATGGAAGGAACATAAGTACAAAAATGTTAGTGATGACCAGTGGGTAAAAGTAG
CAGGTCACGTCTCATACGAGGGTCTATACTATGTGCATGAAGAGGAAAAAGTGTTTTACG
TGAAATTCAAAACGGACGCTCGTGTGTATGGGGAAACAGGCAGATGGGAGGTGCATGTGG
GAGGCAAAAGTCATTACACCACAATGCATTTGACCCTGTATCTAGCACACGAGAAGTACCCG
CTACTGGACCTTTGTACCCAGAGTACAACACCACCCACGCGCCACCCAAGCCCCGTTGG
GGCTTGAGGAGGGACCGGAACGGAACGACGCAGGCCTGAAGCAGTCGGGCCGGGGCAGC
AGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGTGGCCCCCGACCCAGACCCCTGCCG
CGAAAGCCAGTGACCGAACGGGTGGACCATTGGACAGTAACAGGACCCGGGACTGTGACT
CTACAAGTCAAACTCCATCAGGACACCAAGTGACCTTGACTGTGCACCTGTAATACACC
TACGAGGTGACCCAAACAGTTTTAAATGTTTTCGATATAGATTGAAAAATGGTAAAAAAG
ATCTGTATTGTAGGGCCTCGTCCACGTGGCGGTGGTCCTGCGAACCAGAAAACCAAGCAG
CGTTTGTAACAATATGGTACACCAGTTATACACAGCGCGATGAATTTTTGGCCACTGTCA
AAATACCACCAAATATGCAGGCCATTTTAGGCCACATGTCTGTATTTACATAGAAGTGTG
CTACACTGCTATTTAGCCCTGGATTTCTATTTGTGCAGGCTGTATTTTTGGGTGTATTTT
GTGTTGCTGCTGTGTCTGTGCTGGCTGTGTGTGCTTTCTGCACTAACCTGCTATCTGGCT
TTTGTGTTGTGTTTGTATTTAGTATTGGTGGCCTTTATATTTACAGGTTGTTTCTCGCATT
GCACGCAATAATCAGTAACACTACCATGTATCCTATCATAATTACCGATGGGGATGGGGA
CCGTCTGTGTTGTTGTTTGGAGCCGGGGGATGTATATGTGTTGGGTTTGTAAACTGT
TGTATGCTTATTATTGTTTATTGTATATAGACACTTGGGATTATTGTAATGTTGTATGCT
GCACTTATAGATGTGGTGTACTTGTATTTATACAGTGGCCATTGGATTGTGTATGTGTAC
TTGCTTTTGTACCACTTTTTTTTGTGTTTGTGTTTTTGTGTTTTTCTTTGCAGTTGAATAAA
GCAACCATGGTGGCACATCGTGCAAGGCGTCGCAAGCGTGCATCCGCCACAGAGCTTTAT
AAAACCTGCAAAGCAGCAGGCACATGCCCCCTGATGTTATTTCCCAAGGTTGAGGGCACT
ACGCTGGCTGACAGGATATTACAATGGGGCAGTCTTGGTGTGTTATTTAGGCGGGTGGGT
ATTGGCACTGGGACAGGCACTGGGGGTGCGACTGGCTATGTTCTTATCGGCACCCGGCCT
GGAAGTGTAGTTGATGTGCTGTTCTTACCAGGCCTCCTGTGGTTGTGGAGCCTGTGGGC
CCTACGGATCCCTCCATTGTTTACTCTGTGGAGGAATCTAGTGTAATTGATTTCGGGTGCT
TCTATACCCACCTTTACTGGTACTTCTGGATTTGAGATAACCTCCTCTGCCACAACCACT
CCTGCTGTATTAGACATTACCCCTGCAGGTGACACTGTAGTAGTTACTAGCACAACTTC
ACTAATCCTTTGTATACTGAGCCGTCACTGGTAGAAGTGCCACAAACTGGAGAAATTTCT
GGACATTTGTTGGTTAGCACAGCCACTTCGGGTACCCACGGGTATGAGGAAATTTCCCATG
GATACGTTTGCCACCTCTGGAACGGGGTCTGAGCCCATCAGTAGTACTCCTGTACCTGGT
GTTAGTAGGGTTGCAGGTCCACGCCTATATGGCAAGGCCATGACACAGGTTCCGGGTGCCT

GATCCTGCCTTTTTGTACGTCCTCTTCTTTTGTGACATTTGACAATCCTGTGTATGAT
CCCGGGGATGAAACCATTATTTTTTGAGCGTCCCTCGCCTGGTACTCGTGTGCCCCGACCCC
GATTTTCTTGATATTGTCAGGCTGCATAGGCCTGCCTTAACATCTCGCAGGGGCACTGTG
CGCTTCAGTAGAGTAGGTCAAAGTTTAGCATGCGTACTCGCAGCGGCACACAAATTGGT
GCCAGGGTCCACTATTATCATGACCTTAGTCCCATTACTCACACCGAGGACATAGAGCTA
GAACCACTACTCCCTCCTGCAGATTCTGCTGCTGAGGATTCAATTATATGATGTGTATGCT
GATGTAGACGATGCTGACGTGGCCTTTACGAACAGTGGTCGCAATCTTACCTCTTTTGGG
GGTCGCGGTGCATCGTCTCCCTCCCTTCTGCACTGTCCACTAAGATTGGCAATGTAACA
ATTCCATTTATATCTCCGGTGGATGTGCATTTACACACTGGCCCCGACATTGTTTTGCCT
TCTTCTGCACAATGGCCTTTTGTTCCTGTATTACCTGCTGACACAACACATTATGTGTAC
ATTGATGGAGGCAATTTTTATTTGTGGCCTGTTACCTTTTCTGTGTCTCGGAAACGTGCG
CGTAAACGTCTTTCATATTTTTTTGTCAGATGGCACTGTGGCGCTCTAGTGACAACCTGGT
GTACCTGCCTCCCACCCAGTATCCAAAGTTATCAGCACGGACGACTATGTGACACGCAC
AAATGTGTATTATTATGCAGGCAGTTCTCGCCTGTTAACTGTAGGTCACTCCCTATTTTGC
TATTCCCCAAACTTCTGGTACTAAGGTGGATGTGCCTAAGGTATCTGCATTTCACTATAG
AGTATTTCTGTGTCCTGCTGCCAGACCCCTAATAAGTTTGGTTTGCCTGATGCTCGTATATA
TAACCCCTGAGGCCGAACGTTTGGTTTGGGCCTGCACTGGTGTGAGGTGGGCCGCGGACA
ACCTCTAGGCGTGGGGTTAAGTGGACACCCCTCTGTATAACAACTGAATGACACTGAAAA
CTCCAACATGTCACATGCTGACAATAGTCCCTGACTCCCGGGACAACATTTCTGTTGACTG
TAAGCAACACAACTGTGTCATACTGGGCTGTACGCCCCCATGGGGGAATACTGGGGTAA
GGGTACCCCTTGTGCACGTACTAATACTACCCAGGAGACTGTCTCCCTTGGAGTTAAT
GACATCTTATATTCAAGGATGGCGACATGGTGGATACCGGGTATGGTGCCATGGACTTTAC
TGCCCTGCAATTTAATAAGTCTGACGTGCCCTTGATATTTGCCAGTCTATTTGCAAATA
TCCCGATTATTTGGGCATGGCTGCCGACCCGATGGCGATAGCATGTTCTTTTCCCTCCG
TCGGGAACAACGTTTTGCCAGACACTTTTTCAATCGTGCGGGTGATGTTGGAGACAAAAT
TCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCGGCAGTGCTATATA
CAGCCCCACACCTAGTGGGTCTATGGTGACCTCTGAGGCACAAATATTCAATAAGCCTTA
CTGGCTACAGCAAGCTCAGGGACACAACAATGGCATATGCTGGGGAAATCAAGTGTTTTT
AACTGTGGTAGACACCACACGCAGCACAAATATGTCTCTCAGTGCCTCCACTGAGTCTCA
AACCCCATCTACCTATGATGCCACTAAAATAAAGGAATATTTAAGGCATGGGGAGGAATA
TGATTTGCAGTTTATCTTTCAGTTGTGTAAAGTAACATTAACACCTGAAATTATGGCCTA
TATTCACACTATGAACACTGCTTTATTGGAGGATTGGAATTTTGGACTGACATTGCCACC
TTCTACTAGTCTGGAAGACACATATAGGTTTGTAAACGTCTCTGCCATTACATGTCAAAA
GGATGTGGCCCCCACTGAAAAGCAGGACCCCTACGCAAAGCTTAATTTTTGGGATGTGGA
TTTAAAGGATAGTTTACTTTGGATTTGTACAGTTTCCTCTGGGACGCAAGTTTTTTATT
ACAGATTGGTGCAGCAGTCTGTTCCGTGGTTCCTCTCGCAAACGCCGGGCGCCACCCC
CTCCCCAGCTTCGACCAAACGGAAGCGCTCCAAAAAGTGACCCATTGTTGTTTGTATGT
GTATGTATGTTTACGACAACCTATGTATGTGTACTGTGTATTGCATGTGTTTGTATGGTA
TGTGTGTGTATACAACAACCTATGTATGTATGTGTATATGTGTTAATAAACTGTGTACAT
AGTTATATATTTTATACATATAATTGCTTGCTCTGTGAGTAAGAATAAACTTGTAGGTC
AGAAGACCCAATTCGGTCTAAGATGGCCGCTGTGCAGGTGTGCAAACTAATTAGTC
ATATTATTCAATTTCCCTGCAACATGCCGTCTCACGCACCTTTTTGGCAGCACTTTTCTGC
TTTCCACTGTTTATTTTATTGCTGTATCATTCATCTTGGCTTGCCACCACATACACATTG
CAATTTTGCTGCTTCTAGGCACCAAGTTATTATGACTACTTTCACATAATTACTGTCTTG
GCTGCCTTTTCTAGGTTATCTTTCCAATAAAACATGTTTGCAAATCCCCACCTTTACATT
GTGTTTCCATGACACATCTAATCCGGTTCGCTGCTTGTCTTCCAACCTAATTAATGCGGT
TGCTTCACCTGTCTTTCTAACCATAAAT

>gi|2911551|emb|Y15174.1|_Human_papillomavirus_type_76_E6,_E7,_E1,_E2,_E4,_L2,_a
nd_L1_genes

CAGATTTGTTCCAACAACGATTTTGGCGCGAACATTTTGGCAGCAGAAGAGCGACGGTAA
CGGTAAAGTTTCAACCGGGTGCGGTCAAAACAACCTTACTCATCATAATGGTTGCCAACAAC
AATCATCGAAACAGATCTTTATGTAACCACATAAGTTGTTTTCACTCTTTTATTCTTGGA
AAGAATAGATACAGGACACATGGCTAGACCTGCTAAGGTATGTGAGCTTAGCCAACCTCTT
AAATATACCCATTTCTTCTATGCTGATACCCTGTAACCTTTTGACAGGGTTTCTGACCTA
TTGGGAACCTCTTAGAGTTTGATTATAAGGACTTCCATTTAGTGTGGAAGGACGGATTTTG

CTTTGGTTGCTGTGCTAAGTGTGCTTTTGCATCTGCCTACCACGAGTTTACACAGTACCA
TCAGGAAACTGTGGTAGGCATAGAAATAGAAGGCAGAGCTGCAGAAAATATAGCGAACAT
TATAATAAGGTGTCAATTTTGTGTTGAAACGCCTGGATTTATTTGAAAACTTGATCATTG
TGCACAGCAAAGAGAGTTTCACAAAGTTAGAAATAGGTGGAAAGGGGTGTGTAGACATTG
CAGAGTAATAGAATGATTGGGAAAGAGGCTACATTACCTGACATTGTGCTACAAGAAGAG
TTTGGCCAGCCATTGACCTGCAATGCTACGAGAACCTACCAGCTGAAGTGCCAGCTGAA
CAAGACACAGAGGAGGAGCTTATCCAAGGCATCCCTTACAAAGTGATTGCTTGCTGTGGC
GGCGGATGCGGTTCTAGACTTCGTGTGTTTGTGCTGGCTACTGATCGGGCCATTTCGAGAA
TTTCAATCTTTACTGCTAGAGGAGTTGCAATTCCTGTGTCCGGAGTGTCGTGAAGAGATT
CGCAATGGCGGACGATAAAGGTACTGACCCATAAGAAGGGTGTAGTGAAATGGTTCCTTAGA
TAATGAAGCAGACTGTAGTGATTTAGAAAAATGACCTTGAGCAGTTATTTGATGAAAGTCC
ACAGTCCAATATATCAGAATTAATAGATGATGATGCGGACGTGGAGCAGGGAAATTCGCG
AGATCTGCTTCGCCAGCAGGAATTTGAGGAAAGCGCGGAGCAAGTGCAAAAGTTAAACG
AAAGTATTTCACTCCTAAAGCAGTGCAACAACCTTAGTCCACGGTTGCAGTCTTTGTCTAT
ATCTCCGCAACAAAAGTCTAAACGGAGGCTGTTTGAGCAGGACAGCGGGCTGGAAGTGTG
GGGTTGTGAACAACTTTGTCTAATGAAGTTGAAGATATTACTACGGAGCTGGAGGTACC
AGCGGTGCCGCCGCGCAGAGCAGGGTGGCCAGGGATCGGGAAATTTGCATTATAAGAATT
AATGCGATGCAGCAATAGTCTGTGCAAGATTATTAAGTAAAGTCAAAGAATATTTTGGTGT
AGGATTTTATGAGTTAGCTAGCAATATAAAAGTGATAAAACATGTTGCAGAGACTGGGT
AGTTGGAGCCTATGGAGTGGCGGAGGAATGCTAGAAAGGTGCAAAACAATTACTTATTAA
TCATTGTTCTTATGTGTGGATTAACATAAAATGGGATTATGTCATTATTCTTGCTGTGTTT
TAACAATGCTAAAAGCAGAGAAACTGTGGGAAGATTGCTGATGTCAATGCTTGATGTACA
ATTATTGCAACTAATATGTGAACCTCCCCAACTTAGAAGTGTGGTGTGACATTATATTG
GTATAAAGGTAGTATGGACTCATCTGTGTATGCTCACGGAACCTATCCTGATTGGATAGT
AAATCAGACCATGTTAACACATCAGGCTGCAGCAGAAGCTGTGCAATTTGACTTATCTGA
AATGATACAATGGGCCCTATGATACAGATCTCACAGATGAAGCTGACATTGCATATGGATA
TGCTAAGATGGCTGAGTCTGACTCAAATGCCAGAGCTTGGCTAGCACATAATAGTCAAGC
AAAATTTGTAAGAGAATGTGCACAAATGGTCAGACATTATAGACGGGGAGAGATGAGAGA
TATGAGTATATCAGAGTGGATTCTATTATAGGATAGAACAAGTAGAGGGTGAAGGTCATTG
GTCTGAAATTGTAAAGTTTATTAGATATCAAGGAATAAATTTTATATTATTCCTTGATGC
ATTTAAGCAATTTTTGCATGGGAAACCCAAAAAAGTTGTTTATTAATTTATGGACCGCC
CGATTGTGGTAAATCTATGTTTGAATGTCATTAATAAGAGTGTGAGAGGGAGGGTAAT
ATCATTGTGTAATGCAAAAAGTCAATTTTGGTTATCACCTCTTGCAAGATGTAAATAGG
TTTATTAGATGATGCCACTGATCCATGTTGGCAATATATAGATACATACTTAAGAAATGG
CATTGATGGTAATATTGTAAGTGTGGACTGTAAACATAAACTCCATTACAAATTAGATT
TCCTCCTCTTTTAATTACATCAAATTATAACATCAAGGACAATGATAAATACAGATACCT
GTATAGCAGAATTGTGATATTTGAGTTTAAACATAAGTTTCCATTTAAAGAGGATGGTTC
ACCTGAATTTCTCCTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTAAAAGGCTTTGGAATCA
ATTAGATCTCAGTGACCCTGAAGACGAGGCAGAGAATGGAGGCACTCAACGATCGTTTCA
ATGCACTACAAGACAAATTGATGGACATTTATGAATCAGGGAAAGATGATCTTGAAACAC
AAATAGAACATTGGAATTTGTTAAGACAAGAACAAGTGTGTATTATTATGCACGCAAAA
AAGGCGTGTAAAGACTTGGGTATCAACCTATTCACACTTGCAACCTCCGAAACTAAGG
CTAAAGAAGCAATTGGAATGATGCTTACACTGGAGAGTTTGCAAAAATCTCCATTTGGAA
AGGAACCATGGACTTTAGTAAATACCAGTCTTGAAACATATCGCACCCACCTATAAACT
GTTTTAAAAAGGGCCCTGTAAATATAGAAGTAAGATTTGATGAAGATCCTGAAAATATAA
TGTTGTATACATCTTGGACATATATTTACTTTCTAGATGCAGAAGATCAATGGCAAAAAG
TAAAAGGGGAAGTGGACTATTTAGGTGCTTTTATAAGGATGGGCCACATAAACATTATT
ACATAAACTTCAATGATGATGCCCTTAGATATGGGACATCAGGCCAGTGGGAAGTAAGAA
TTAACAACGAAACTGTGTTTGTCTCCTGCTAGCTCCACACCACCGGCCGCGGAGCTAC
GGGATCCTCCAACGCCAGCCCCGTTCCCGCCCCCGACCACACCAGGTCCCAGACGCCCA
CCAGCACCACAGGAACCACCACAACCTACAGCACCACCAGCGTTAGCACCAAGGGAGCAC
CAGAACTCGCATCCAAAGCCAACACCAGGAAAAGAAGGTACGGAAGAAAAGACTCTAGCC
CTACAGCCACCTCCAGGAAAGAGGTCTCGCGGAGACGCTCCCGGTCCAGCACCAGGACCC
GGGCAACCTCCAGAGCAAGGGCCATCAGAGTCAGATCCCAAAGACCCAGCCGATCCAGAT
CGCGATCCAGATCCCGAGAATCCAGAGGATCCAGAGGATCCAGAGGGTCCAGCAGCTCCA

GAGGATCCTCCAGTCGCAGGGGCCAGCGGGGGCGGGGAGGGGGAGGTCTGAAGGGCATCCA
CACACACACCCACCCCCAGTCCCCACAAACGGTCACAACGGAGAAGTAGGTCCCGAGAAC
GGGGAACCGGAGCCATTTCTAACAGGTCTGGCATCTCGCCTGACAAGGTGGGATCTGCAG
TACAAACAGTTAGTGGACGACATCTTGGAAGACTTGGAAGGTTACTGGCAGAAGCTAGCG
ATCCTCCAGTAATACTTTTACGAGGTGATCCAAATGTGTTGAAATGCTTTAGATACAGAG
ATAAAAAAATAAGAAGGGATTAGTAAAATGTTATAGTACCACATGGTCCTGGGTGCATG
CAGACGGTAATGAGAGAATAGGTAGAGCTAGAATGCTTTTAGGTTTTACTTCTCAGCAGC
ATAGAGCACAGTATATTAGTTCCATGAAATTGCCTAAAGGTGTAGAGTGGTCCTATGGTA
ACTTTGATAGGTTATAACATTAATTAACCTACTAACCTTGCTTGCACTACTAATATATTA
ACATTTTATATTTTTTTTACTATGGTCCGTGCTCGCAGAACAAAAAGAGATTCTGTAACAC
ACATTTATCAAAGCTGCAAAGCAGCTGGAACCTGTCCTCCGGATGTTTTAAATAAAGTGG
AACAAACAACAATTGCTGACCAGATTTTAAAAATATGGCAGCAGTGGTGTTCCTTTGGTG
GTTTGGGTATAGGCACAGGTCGTGGAACCGGAGGCAGTACTGGCTATGTGCCATTAGGTG
AGGGCCCCGCCATTCGTGTTGGGGGCACTCCAAATGTCATTTCGGCCTAGTGTGATACCCG
AGGCTATTGGGCCCTGTGATATCATACCTATTGACACTGTCAATCCAATTGACCCAACTG
CATCATCTGTGGTCCCACTCACTGAAACAGGACCTGATTTGCTGCCTGGGGAAATTGAGA
CAATTGCAGAAGTGAACCCCTGCCCCAGATATTCCTAGAGTTGACACATCTGTTGTGACAA
CAAGTCGTGGCACTAGTGCAGTGCCTGAAGTTGCTCCTGAACCAGTACCTCCTACACGGA
CACGTATATCAGAACACAATATCACAATCCCTTCTTTTCAAGTACTTACTGAATCCACAC
CAACATAGGGGAATCCGCATTGTGCAGACCAAATTGTAGTTACCAGTGGCTCAGGTGGCC
AGGCCATTGGTGGTTCCAGATATGTGGAATAAGAGCTGGAGGAAATACCAAGTAGATATA
CATTTGAAATAGAAGAACCACCCCTCCAAGACGCACAAGCACCCCTGTTCAAAGAATTA
CACAAGGTATTAGTAATATTAGAAGGTCTCTATATAATAGAAGACTGACACAGCAGGTTA
ATGTTACAGGATCCTTTATTTTTTACAACAACCTTCACGTTTGGTACGTTTTACGTTTGATA
ATCCCGCTTTTGAAGATGAGGTTACACAAATATTTGAAAGAGATGTAGCTACTGTTGAGG
AGCCACCTAATAGAGACTTTTTTGGATATAGCTAAACTAAGTCGTCCACTATATTCAGACA
CTCCACAAGGTTATGTACGTGTTAGTCGTCTTGGTAACAGAGCCTCTATAAGGACTAGAA
GTGGTGCTACTGTAGGGGCTCAGGTACATTTCTATAAAGACCTTAGTACTATAGATGCAG
AAGAATCAATAGAATTGTCACTGCTTGGTGAGCATTACAGGTGATGCCTCTATAGTCCAAG
GCCCTGTAGAAAGTACATTTGTTACATCAGATCTACAAGAATTGCCTGTTAATATTGTAG
AGGAAACAGAACCCGAGTTTCATTCTGATGATTTATTGCTTGATGAACAAAATGAGGATT
TTAGTGGATCTCAGTTAGTGTATGGTGCAGGCAGACGGTCCATTACATACACAGTGCCTA
GATTTACAACACCCCGAGCAGATACATTTTATGTGCAGGACTTAGAGGGTTATACAGTGT
CATATCCAGAAAGAAGGGATTATCCAGAAATAATTTATCCTCAACCTGACCTTCCTGCTG
TTGTTATACATACATCTGATACATCTGGGGATTTCTATTTACATCCTAGCCTACGTAGGC
GTAAACGTAAACGAGCTTATTTATAATATTTTTTTTCAGATGACTTCGCTTTGGTTACCAG
CAACTGGTAAGGTTTATCTTCCACCATCAACACCTGTGGCCAGGGTTCAAAGCACGGATG
AATACATTGAAAGAACAGACATCTACTATCATGCAAATAGCGATCGCCTCCTTACTGTAG
GCCACCCATATTTTGATGTTAGAGACACTGGGGATTCAACAAAAATACAGGTTCCATAAG
TATCAGGGAAATCAGTTTAGAGCATTTAGATTACTACTACCAGATCCCAATAGATTTCGCCT
TGGTAGACATGAATGTCTATAATCCTGAGAAGGAAAGACTGGTTTGGGCCTGTAGAGGTT
TGGAATAGGTCGCGGACAACCCCTAGGAGTAGGGTCTACAGGTCAATCCCTATTTAATA
AAGTGAAGGATACGGAAAATGCTAATAATTATATAGTAACATCTAAGGATGATAGGCAGG
ACACCTCATTTGATCCTAAACAGGTTCAAATGTTTTATTATTGGCTGCGCACCGTGCATAG
GTGAGCACTGGGATGCAGCCAAGCCCTGTGATGCTGACAGAGGGGTAGGCAAATGTCCAC
CTTTGGAACCTGGTAAATACTGTAATAGAAGATGGAGATATGGTGGATATAGGTTTTGGAA
ATATAAATAATAAAACCCTGTCAGCAAATAAGTCAGATGTCAGTTTAGATATAGTTAATA
ATATTTGTAAGTATCCAGACTTTTTTAAAAATGGCCAATGACATATATGGAGACTCCTGTT
TTTTTTATGCTAGACGGGAGCAATGTTATGCTAGACATTTTTTTTGTAGAGGAGGTAATG
TAGGAGATGCTATTTCCGTAGTGTGCAGTGGGTGAGGACAATAACTTTGTGTTGCCTGCAG
CTGGTTGGACAGGCCCAAAACACTTTGGGTAGCTCTATTTACGTGCCTACCGTTAGTGGTT
CTTTGGTATCCACAGATGCACAATTATTTAATAGGCCCTTTTGGCTACAACGAGCACAGG
GTCATAACAATGGCATTGTTGGGAAAAATCAATTATTTGTTACTGTTGTTGATAATACTA
GGAATACTAATTTTACCATAAGTGTTACCACAGATGGTCAAACACCAACTGATTATGATA
GTACTAAAATCAGAGAGTTTTTAAGACATGTGGAGGAATATGAACTATCAGTTATTTTAC

AATTGTGTAAAGTACCTTTAGTGCCAGAAGTACTTGCACAAATCAATGCAATGAATTCCA
ATATATTAGAAAATTGGCAATTAGGTTTTGTGCCTACACCTGACAATCCCATTTCATGACA
CCTATAGATATTTAACATCCCAGGCCACTCGATGTCCAGATAAACAGCCCGCCCCCTGAAA
AAAAGGATCCATATGAGCAATACAATTTTTGGCAAGTGGATCTAACTGAGAAATTGTCAT
TAGATTTGGATCAATATTCCTTAGGACGCAAGTTTCTGTTTCAAGCAGGCCTGCGACGGG
CTTCCAGAGTATCCAGGACAGCCACTGTCCGCACAGCATCCAGGGGAACCAAACGCAAAC
GTTTCATGACCGTTTTTCGGTCACTGGGTCTCATAATAAAATATTTTATAAACTCTTTTGGT
ATGTCAAGCATGTTTTAACCAGATTTCGTGACTAAGATTGATTAAGGCCATCTGCAACCGC
ACCCGGTTAATCAGATTATAAAGGAGCGCCAGGGTTTACCTCAAGCAACTTGGCAGTTAC
AACTTGTCTTCTGCCAGAAGGTCTGTCTGCCAACTTCCTTTTCCAATAAC

>gi|2911544|emb|Y15173.1|_HumanPapillomavirus_type_75_E6,_E7,_E1,_E2,_E4,_L2,_a
nd_L1_genes

AACCATTTTGGCGCGAACATTTTGGCAGCAGAAGAGCAACGATAACGGTAAGTTTCAACC
GGGCGCGGTCAAACTACTTACTCATCATTTATTGTTGCCAACAAACAATCACCGAAACAGA
TATTTATGTAACCACTTGTGTTGTTACCACTTGTGTTGTTTTCACTCTTTTATTCCTTGG
AAGAATACAGACAGAACACATGGCTAGACCTGCTAAGGTATGTGAGCTTAGCCAACTCTT
AAATATACCTATTTACAAAATTTTGTACCTGTAACTTTTGCACAGGGTTCTGACCAC
TTGGGAACCTCCTAGAGTTTGATTATAAGGACTTCCACTTGGTGTGGAAGGACGGATTTTG
CTTTGGTTGCTGCTCAAAGTGTGCCTTTGCACTCGGCCTATCACGAGTTTACACAGTATCA
TCAGGAGACCGTGGTAGGCATAGAAAAGGAGGAGCAGCAGAGCAAGAGTATACATAATCT
TATTGTAAGGTGCCAGTTTTGTCTGAAACGTTTGGATATATTTGAAAACTTGATAATTG
TGCACAGCACAGAGAATTCCACAAAGTTAGAAATAGGTGGAAGGGGTGTGTAGACATTG
CAGAGTGATAGAATGATTGGGAAACAGGCTACATTACCTGACATTGTGCTACAAGAAGAG
TTTGGCCAGCCCATTGACCTGCAATGCTACGAGGATTTAGCAGCTGAAGTGCCAGCTGAA
CAACACTCAGAGGAGGAGCTTATTCAAGGCATCCCTTACAAAGTGATTGCTTGCTGTGGC
GGCGGATGCGGTTCTCGACTTCGTGTGTTTGTGCTTGCTACTGATCGGGCTATTCGAGAA
TTTCAAACCTTTGCTGTTGGAGGAGCTGCAATTCCTGTGTCCTGAGTGTGCTGAAGAAATT
CGACATGGCGGACGATAAAGGTACTGACCTTAAAGAAGGGTGTAGTGAATGGTTCTTAGA
TAATGAAGCAGACTGTAGTGATTTAGAAAATGACCTTGAGCAGTTATTTGATGAAAATCC
ACAGTCCAATATATCAGAATTAATAGATGATGATGAGGACGTGGAGCAGGGAAATTCGCG
AGATCTGTTTCGCCTGCAGGAATTTGAGGAAAGCGCGGAGCAAGTGCAAATGTTAAACG
AAAGTATTTCAAGTCTTAAAGCTGTTCAACAACCTAGTCCACGGTTGCAGTCTTTGTCCAT
ATCTCCGCAACAAAAGTCTAAACGGAGGCTGTTTGAGCAGGACAGCGGGCTGGAACGTG
GGGTTGTGAACAAACGTTGTCTAATGAAGTTGAAGATATTACTACGGAGCTGGAGGTACC
GGCGGTGCAGCCGGCAGAGCAGGGTGGCCAGGGACTGGGAAATTTGCACTATAAAGAGTT
AATGCGATGCAGTAATAGTCGTGCCAGATTATTAAGTAAAGTTAAAGAATATTTTGGTGT
AGGGTTTTATGAGTTAGCTAGGCAATATAAAAGTAATAAAACGTGCTGTAGAGACTGGGT
TATTGGAGCGTATGGTGTGCGGGAGGAATTGCTGGAAGGTGCAAAACAATTACTTCTAAA
TCATTGTTCTTATGTGTGGATTAATATGAATGGGATTATGTCATTATTCTTGTGTGTTT
TAACAATGCAAAAAGCAGAGAACTGTGGGAAGATTACTAATGTCTATGCTTGATGTACA
ATTATTGCAATTAATATGTGAACCTCCCAAACCTAGAAGTGTGGTGTGAGCATTATATTG
GTATAAAGGTAGTATGGACTCATCTGTGTATGCTCACGGAACGTATCCTGATTGGATTGT
GAATCAGACCATGTTAACACATCAGGCTGCAGCAGAAGCTGTGCAATTTGATTTGTCTCA
AATGATACAATGGGCTTATGATACTGATCTCACAGATGAAGCTGACATTGCATATGGATA
TGCAAAGATGGCTGAGTCTGATTCAAATGCCAGAGCTTGGCTAGCACATAATAGTCAAGC
AAAATTTGTAAGAGAATGTGCACAAATGGTCAGACATTATCGAAGAGGGGAAATGAGAGA
TATGAGTATCTCAGAATGGATTCATTACAGAATAGAACAGGTGGAAGGCGAAGGTCATTG
GTCTGAAATAGTTAAGTTTCATTAGATTCCAAGAAATAAATTTTATATTATTCTTGATGC
ATTCAAACAATTTCTTGCTATGGTAAACCAAAAAAAGTTGTTTATTAATATATGGACCGCC
TGACTGTGGAATACTATGTTTGCATGTCATTAATAAGAGTGCTAAAAGGGAGAGTAAT
ATCATTGTGTTAATGCAAAAAGTCAATTTTGGTTATCGCCTCTTGCAAGATGTAAATAGG
ATTATTAGATGATGCCACAGATCCATGTTGGCAATATATAGATGCATATTTAAGAAATGG
AATTGATGGTAATATTGTAAGTGTGGACTGTAAACATAAAACACCATTACAAATTAGATT
TCCTCCTCTTTTAATTACATCAAATTATAATATTAAGGACAATGATAAATATAGATACTT
GTATAGCAGGATTGTGATATTTGAGTTTAAGCATAAGTTTCCATTTAAAGAGGATGGTTC

ACCAGAATTTCTTCTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTAAAAGGCTTTGGAGTCA
ATTAGAACTGAGTGATCCTGAAGACGAGGCAGACAATGGAGGCACTCAACGATCGTTTCA
ATGCACTACAAGACAAATTGATGGACATTTATGAATCAGGGAAAGATGATCTTGAACTC
AAATAGAGCACTGGAAATGTTTAAAGACAAGAACAAGTGTTGTATTTTTATGCACGTAAAA
AAGGCATACTAAGAATTGGGTATCAACCTGTACCCACACTTGCAGTATCTGAAACTAAGG
CAAAAGAAGCAATTGGAATGATGCTTACACTGGAGAGTTTGCAAAAATCTCCATTTGGAA
AAGAATCATGGACCTTAGTAAATACGAGTCTTGAAACATTTTCGTACCCACCTGCAAACT
GTTTCAAAAAGGGGCCATTATAATATAGAAGTAAGATTTGATGGAGATCCTGAAAATATAA
TGTTGTATACAGCATGGACACATATTTACTTTCTAGATGCAGAAGAACATTGGCAAAAAG
TAAAAGGGGAAGTGGACTATCTAGGTGCTTTTTATAAGGATGGGCCACATAAACATTACT
ATATACACTTCAATGATGATGCCCTTAGATATGGGACTTCTGGACAATGGGAAGTAAGAA
TTAACAACGAAACTGTGTTTACTCCTGTTACTAGCTCCACACCACCGTCCGCGGAGCTAC
GGGGATCCGCCAACACCAGCCCCGTTCCCGCCGCCGACCACACCAGGTCCCAGACGCCCCA
CCAGCACCACAGGAACCACCACCACCTACAGCACCTCCACCGTTAGCACCAAGAGACCAC
CAGAACTCACATCCAAAGCCAACACCAGGAAAGGAAGGTACGGAAGAAAAGACTCTAGCC
CTACAGCCACCTCCAGGAAAGAGGTCTCGCGGAGACGGTCTCGGTCCAGAACCAGGACCC
GGGGACGGGACGCGAGCACAAGGGCCATCAGAGTCAGATCCCAAAAACCCAGCCGATCCA
GATCGCGATCCAGATCCAGAAATCCCGAGGATCCAGAGGATCCAGCAGCTCCAGAGGAT
CCTCCCGCAGGGGGCGGGGGCGAGGGCGAGGGCGAGGGGATCCACCCCCCACA
AACGGGCACAAAGGAGAAGTAGGTCCCGAGGACGAGGATCAGGAGCCATTTCTAACGGGT
CTGGCATCGCGCCTGACAAAGTGGGATCAACAGTACAAACAGTTAGTGGAACATCTTG
GACGACTTGGAAGGTTACTGGCAGAAGCTAGCGATCCTCCAGTAATACTTTTAAGAGGCG
ATCCAAACATACTAAAATGCTTTAGGTACAGAGACAAGAAAAACAGAAAAGGGATTGGTTA
AATGTTATAGTACTACATGGTCTTGGGTGCATGCAGATGGCAATGAAAAGATAGGTAGAG
CTAGGATGCTTTTAGGGTTTACTTCTGAGCAGAATAGAGCAGAATATATTAATTCATGA
AATTGCCATAAAGGTGTGGAATGGTCTACGGTAACTTTGATAGGCTCTAACATGTTTTAA
CATACTAACTTGCTTGCACTACTAACATATTAATATTTTATACTTTTTTACTATGGTTCTG
TGCCCCGAGAACAAAAGAGATTCTGTAACCCACATTTACCAAAGCTGCAAAGCAGCTGG
AACCTGTCTCCAGATGTAGTTAATAAAGTGGAGCAAACAACAATTGCTGACCAGATTCT
GAAATATGGCAGCAGTGGTGTCTTTCTTTGGTGGTTTGGGTATAAGCACAGGTCGTGGAAC
TGGAGGCAGTACTGGCTATGTGCCATTGGGTGAGGGCCCCGGCATTTCGTGTTGGGGGCAC
TCCAAATGTTATTCGGCCTAGTGTAATACCCGAGGCTATTGGGCCTGTGATATCATTC
TATTGACACTGTCAATCCAATTGACCCAACCTGCATCATCTGTGGTCCCACTCACTGAAAC
AGGACCTGATTTGTTGCCTGGGGAAATTGAGACAATTGCAGAAGTGAACCTGCCCCAGA
TATTCCTAGAGTTGACACATCTGTTGTTACATCTAGCAGTGGCACTAGTGCAGTGCTTGA
AGTTGCTCCTGAACCAGTACCTCCTACACGAACACGTATTTCAAGAACACAATATCACAA
TCCTTCCTTTCAGGTGCTCACTGAATCCACACCAACATTGGGGGAGTCTGCATTATCAGA
CCAAATCGTGGTCACCAATGGCTCTGGTGGGCAAGCCATTGGTGGTTCCCGCACTGTGGA
AATAGAATTAGAGGAAATACCAAGCAGATACACATTTGAAATAGAAGAACCACCCCTCC
AAGACGCACAAGCACTCCTGTTCAAAGAATTACACAGGGAATTAGTAACCTTAGAAGGTC
TTTATATAATAGGAGACTCACACAGCAGATTAATGTGCAAGATCCTTTATTTTTACAACA
ACCATCACGTTTAGTACGTTTCACATTTGATAATCCTGCCTTTGAGGATGAAGTTACACA
AATATTTGAAAAGAGATGTGGCTACTATTGAGGAACCCCCAAATAGGGATTTTTTAGATAT
AGCAAAGCTCAGTCGTCCAGTCTATTAGATACTCCACAGGGTTATGTACGTGTTAGTCG
ACTAGGTAACAGAGCATCTATTAGAACCAGGAGTGGGGCTACTGTAGGAGCTCAGGTTCA
TTTTTATACAGATTTAAGTACTATAGATACAGAGGAATCAATAGAATTATCACTACTTGG
AGAACATTCTGGTGATGCTTCTATAGTACAAGGCCCTGTAGAAAGTACATTTGTAACATC
AGATTTACAAGAGTTACCTGTCAATATTGTAGAGGAACTGAACCTGAATTTCACTTCTGA
TGATTTATTGCTTGATGAACAAAATGAGGATTTTAGTGGATCGCAATTGGTATATGGATC
TGGCAGCGGTCCATTACATATACAGTGCCGAGATTTCAGTACACCACGTGCAGATACATT
TTATGTGCAGGATTTGGAGGGCTACACTGTTTCATATCCAGAAAGAAGGGATTATCCAGA
AATAATTTATCCTCAACCAGACCTACCTGCTGTTGTTATACACACATCTGATACTTCTGG
GGATTTCTATTTACATCCTAGTTTACGAAGGCGTAAACGTAAACGAGCTTATTTATAATA
TTTTTTTCAGATGACTTCGCTTTGGTTACCTACAACCTGGTAAGGTTTATCTTCCACCATC
AACACCTGTGGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGAATACATTCAAAGAACAGACATCTACTA

TCATGCCAATAGTGATCGCCTTCTCACTGTAGGTCATCCATATTTTGATGTTAGAGACAC
TGGAGATTCAACAAAAATATTAGTGCCTAAAGTTTCAGGAAATCAGTTTAGAGCATTTAG
ACTGCTATTACCAGATCCCAATAGATTTGCATTAGTAGATATGAATGTCTACAATCCAGA
AAAAGAAAGATTAGTATGGGCTTGCAGAGGCTTGGAAATAGGTCGAGGACAGCCTTTAGG
GGTAGGTTCTACAGGCCATCCTTTGTTCAATAAAGTAAAGGATACTGAAAAATCAAATAA
TTATATAACAATGTCTAAAGATGATAGGCAGGACACCTCGTTTGACCCTAAGCAGGTTCA
AATGTTTATTATTGGCTGTGCACCTTGTATAGGGGAGCACTGGGATGCTGCCAAACCCTG
TGACGCTGACAAAAGGAGACGGTAAATGTCCACCTTTAGAATTAGTAAATACAGTTATTGA
GGATGGGGATATGGTGGATATAGGTTTTGGTAACATAAATAATAAAACCTTGTCAGCAAA
TAAATCAGATGTCAGTTTGGATATAGTTAATAACATTTGTAAGTATCCAGACTTCCTTAA
AATGGCCAATGACATATATGGGGACTCCTGTTTTTTTTTATGCCAGACGGGAACAATGTTA
TGCTAGACACTTTTTTGTAGGGGAGGCAATGTAGGCGATGCAATTCTTAATGCTGCAGT
GGGTCAGGACAATAATTTTATGTTACCTGCAGCCGCTGGGCAGGCTCAAAACACTTTGGG
CAACTCTATTTATGTTCCACGGTCAGTGGTCTTTGGTGTCCACAGATGCTCAATTATT
TAACAGGCCATTTTGGCTGCAACGAGCACAGGGTCATAACAATGGTATATGTTGGGAAAA
TCAATTATTTGTTACTGTTGTTGACAATACTAGAAATACCAATTTTACCATAAGTGTAC
CACAGATGGACAAACACCTACTGATTATGACAGTGGTAAAATACGAGAGTTTTTAAGACA
TGTTGAGGAATATGAATTATCAGTTATTTTACAATTATGTAGAGTGCCTTTAGAGCCTGA
GGTACCTTGCACAAATTAATGCAATGAATCCAAATATATTGGAATAATTGGCAATTAGGCTT
TGTACCTTCGCCTGACAATCCCATCCATGACACTTATAGATATTTAACATCGCAGGCTAC
TCGATGTCCAGATAAACAGCCTGCCCCGAAAAAGAAAGATCCTTATGAGCAATATACTTT
CTGGCCTGTGGATCTAACTGAAAAATTATCGTTGGATTTGGATCAATACTCGTTAGGACG
CAAATTCCTTTTTTCAGGCAGGCTTACGAAGGGCTTCCAAGGTAACCAGAACAGCCAGTGT
CCGTTTCATCGTCCAGGGGAACCAAAACGAAAACGCACATGACCGTTTTTCGGTCACTGGGTC
TTATAATAAAAAATTTTTATAAACTCTTGTGGTATGTCAAGCATGTTTTAACCAGTTTCGT
GACTAAGATTGATTAAAGCCACCTGCAACCGCACCCGGTTAATCAGATTATAAAGGAGCG
CCAAGGTTTACCTCAAGCAGCTTGGCAGTTACAACGTGTTTCCTGCCAGAAGTGTGTGTC
TGCCAACCTCCCTGCCAATAACCGAATTTGTTCCAAC

>gi|1491692|emb|X94165.1|_Human_papillomavirus_type_73_E6,_E7,_E1,_E2,_E4,_L2,_a
nd_L1_genes

ACTATAATGTACTATTAAAAAAAAGGGTGTAACCGAAAACGGTTTCAACCGAAATCGGTG
CATATAAAAGTAGGAAAGCAAAAAACGCTACAGATTGGGAAATGCTGTTTCCCAATTCAG
AAGAACGACCATAACAAGCTACAAGCGTTATGTGACGAAGTGAATATTTCTATACATGATA
TAAACCTGGACTGTGTGTTTTGCCAACGTGGACTGTACAGATCTGAGGTATATGATTTTG
CATTTAGTGATTTGTGTATTGTATATAGAAAGGATAAACCATATGGTGTATGTCAACCGT
GTTTAAAAATTTTATTCTAAAATTAGAGAGTATAGGCGATATAGACAATCAGTATATGGCA
CTACGTTAGAAAATTTAACTAACAAACAGTTATGTAATATTTTAATAAGGTGCGGAAAAT
GCCAAAAACCATTTATGTCCACTGGAAAAAGCAAAAGCATGTAGATGAAAAAAAACGGTTTC
ATCAAAATAGCAGAACAGTGGACCGGACGCTGTACACGGTGCTGGAGACCATCTGCAACTG
TGGTGTAAAGATGCATGGAAAAAAAACAACCTTGCAGGACATTACTTTAGACCTGAAACCA
ACAACCGAAAATTGACCTTACATGTTACGAGTCATTGGACAACCTCAGAGGATGAGGATGAA
ACAGACAGCCATCTAGACAGACAAGCTGAACGAGAGTGTACAGAATAGTTACTGACTGC
ACGAAGTGTCAGTGCACAGTATGCCTTGCCATTGAAAGCAACAAAGCTGATTTAAGAGTG
ATAGAAGAGTTGCTTATGGGTACACTAGGTATTGTGTGCCCAACTGTTCCAGAAACCTA
TAAAAGAAGATGGCTGATTACAGGTAATTGGGAAGGGAGGTGTACGGGATGGTTTAATGTA
GAAGCCATTGTAGAAAGAAAAACAGGGGATCCAATTCCAGAGGATGAAAAATTATGATGGA
GGGGATACAGATGAGTCGGAAATGGGGGATTTTATTGATAATGCACATATACCAAATATA
TATGCACAACAGGAAATTGCACAGGCATTGTATCAGTCACAGCAAGCAAATGCAGACAAT
GAGGCTATACGTGTTCTAAAACGAAAGTTTACAGGTAGTCCTGGCGGTAGCCCAGATATG
AAAAGAGATGAATTCATAGACAAACAGCTTAGTCCACAAATAAATGTATTGTCAATAAGT
AGCGGTAGAAGTACATCTAAACGAAGACTGTTTGAGGAGCAGGACAGTGGATATGGCAAT
ACTGAAGTGGAACCTTACGAGACAGAGGTACCGGGACTTGGGGCAGGGGTAGGGTGTTTA
CAAAATGTTAATGAAGAAGGCAACCAAAATTGTGTGCCACGTGAAAGCAGTAGTGGGTCC
AGTAGCATTTCAAATATGGATATAGAAAACAGAGACACACCTATAACAGATATTACAAAT
TTATTACAAAGGAATAATGCAAAAGCAGCATTGCTAGCAAAATTTAAAGAAGTATATGGG

TTAAGTTATATGGAATTAGTTAGACCATATAAAAAGTGATAAAACACATTGCCAAGATTGG
GTGTGTGCTGTGTTTGGTGTAATACCCTCACTTGCAGAAAGTTTAAAATCCTTACTAACA
CAGTATTGTATGTATATACATTTGCAGTGTTTAAACATGTACATGGGGCATAATAGTGTTA
GTATTAGTAAGATTTAAGTGCAATAAAAAATAGACTAACAGTGCAAAAATTATTAAGTAGT
TTATTAATGTAACACAAGAACGCATGTTAATTGAACCTCCAAGACTACGAAGTACACCA
TGTGCATTATATTGGTATAGAAGTATTTATCAAATATTAGTGAAATAGTAGGAGACACA
CCTGAGTGGATTAAAAGACAAACGTTAGTGCAGCATAGTTTAGATGATAGTCAATTTGAC
CTATCTCAAATGATACAGTGGGCATTTGATAATGATATAACAGACGACTGTGAAATAGCA
TATAAATATGCATTATTAGGCAATGTAGACAGTAATGCAGCTGCATTTTTTAAAAAGTAAT
GCACAAGCAAAATATGTAAAAGACTGTGGTACAATGTGCAGACATTATAAAGCAGCAGAA
CGTAAACAAATGTCAATGGCACAATGGATACAACATAGATGTGATTTAACTAATGATGGT
GGTAATTGGAAAGATATTGTGCTATTCCTAAGATATCAAATGTAGAATTTATGCCTTTT
TTAATTACATTAAAACAATTTTTTAAAAGGTATTTCCCAAACAAAACCTGTATAGTATTATAT
GGACCGCCAGATACAGGAAAATCACATTTTGGAAATGAGTTTAAATTAATTTATACAAGGT
GTAGTTATTTTCGTATGTAAATTTCAACTAGTCATTTTTTGGTTATCACCCCTAGCTGATGCA
AAAATGGCATTATTAGATGATGCAACACCTGGATGCTGGACGTACATAGACAAATATTTA
AGAAATGCATTAGATGGTAATCCTATATGTTTAGATAGAAAACATAAAAAATTTATTACAA
GTTAAATGCCCTCCATTACTGATAACATCAAATACAAATCCTAAAGCAGATGATACTTGG
AAATATTACATAGTAGAATAAAGGTGTTTACTTTTTTAAATCCATTTCCATTTGACAGT
AATGGGAACCCACTATACCACTTACTAATGAAAACCTGGAAAGCATTTTTTTACAAAAACG
TGGTCAAAAACCTAGATTTAACAGAGGACGACGACAAGGAAAATGATGGAGACACTGTGCAA
ACGTTTTAAGTGCGTGTGAGGACGCAATCCTAGAAGTGTATGAACGTGACAGTGTACACCT
AAGTGATCATATTGATCATTGGAAACACGTGCGACATGAAAATGTATTATTACATAAAGC
ACGTGAAATGGGACTGCAAACTGTTAAACAATCAAGCGGTGCCAAGCCTTGCAGTATCACG
ATCCAAAGGGTATAATGCAATTGAAATGCAAAATAGCACTAGAAAAGTTAAATGAATCTTT
GTATAACACAGAGGAATGGACATTGCAACATACAAGTTGGGAACCTGTGGGTACAGAACC
TAAACAATGTTTTTAAAAGGATGGAAAAACAGTAGAGGTAGATATGACTGTGAAAAGGA
CAATAGCATGCAATATGTATTTTGGACACATATATATTGTTGGTATGAAGGGGGGTGGGC
AAAGGTAGGTAGCAAAATAGATTATAATGGTATATATTATGAAACAGATGATGAGGAAAA
GGTATACTATACAAGATTTGATACAGATGCAAAACGGTACGGGGTAAAAGGCATATGGGA
AGTACATATGGGTGGTCAGGTAATATGTTGTGCTCCTGTATCTAGCGCCTGTGAAGTATC
CATTCCTGAAATTGTTAACCCACTGCACACCACAACCACCAACACCACCACCACCTGCAC
CAACGTTGACACCGGTGTGCCATCACGGAACGGCAAAGACAGTGTGACTCGGACCAGAG
GCCCCCTGGATTGTTTGCATAACCTACATCCCACCACAGAGTCCTGTACCCAGTGTACTAC
ACATAATGTTGCGCCAATAGTGCATTTAAAAGGTGACAAAAACAGCTTAAAATGTTTTAG
ATATAGATTGCATAAAGGCTATTCACATTTATTTAAAATGTAACAACAACATGGCATTG
GACCAATACTACAAATAGTAAATGTGGTGTAATAACATTAATGTTTACAACTGTATTGCA
ACAACAACATTTTTTTACAACATGTAAAAATACCACAACTATTGTTAGTTACATCAGGATA
CATGTCTTTGTAACATTGGTTACACAGTATATATGATTCTTTGTATATTTGTATTTTTGT
TTTGTGTTGGCTTTTGTGTTGTGCTTGTGTGTGTCGCTTGCAGTGTCTGTGTATATTTACC
CATGGTTATTGGTATTGATTATAATAACCTTTATACATGTATCACAATCATTGTTAAAAG
TATTTTTTTTATATGTTTTTGGTATTTTATATTCCTATGGCACTTGTACATTACCATGCTA
CATTACAAATAACATAAACAATTTTACATATATAATAAACTGCCTAATATTTTTAGTGTA
CCATGCGTCGCAAGCGTGACACACACATACGAAAAAACGTGCATCTGCAACACAATTAT
ATAAAACATGTAAACAAGCAGGTACGTGCCCTCCTGATGTAATTCCCAAGGTTGAAGGTA
GTACTATAGCTGATAATATATTTAAAATATGGTAGTATTGGAGTTTTTTTTTGGGGGATTGG
GAATAGGTAGTGGGTCTGGATCAGGGGGGCGTACTGGATACGTTCCATTATCTACAGGCA
CACCATCTAAACAGTTGAAATTCCATTACAACCTATACGACCATCAGTTGTTACGCTGT
TTGGGCTTCAGATTCTTCTATTGTTTCATTAGTGGAAGAATCAAGTTTTATAGAGTCAG
GTATACCTGGTCCCTACATCTATAGTGCCCTTCTACTTCAGGGTTTGATATTACAACCTTCTG
TAAACAGTACACCTGCTATTATAGATGTATCTGCTATTAGTGATACTACACAAATATCTG
TTACAACATTTAAAATCCAACCTTTACTGACCCATCTGTGTTGCAACCTCCTCCACCCT
TAGAAGCCTCTGGCAGACTTTTTATTTTCAAATGACACTGTAACCTACCCATTTCATATGAAA
ATATACCTCTTGACACATTTGTAGTTACAACAGACCACAATAGTATTGTTAGTAGTACGC
CCATCCCAGGGAGGCAACCTGCTGCACGCTTAGGATTATATGGACGTGCAATACAACAGG

TTAAGGTTGTAGACCCTGCGTTTTTAACTACGCCTACACGTTTAGTAACATATGACAACC
CTGCCTTTGAAGGCCTGCAGGATACAACATTAGAGTTTCAGCACAGTGACTTGCATAATG
CTCCTGATTCTGATTTTTTTAGATATTGTAAAATTACATAGGCCTGCTTTAACCTCTAGAA
AAACAGGCATACGTGTTAGTAGATTGGGACAACGTGCAACACTTTCTACTAGAAGTGGCA
AACGTATAGGTGCTAAAGTACATTTTTATCATGATATAAGTCCTATACCTACTAATGATA
TTGAAATGCAACCTTTAGTTACACCACAAACACCTAGTATAGTAAGTGGTAGTAGTATTA
ATGATGGGTTATATGATGTGTTTTTAGACAATGATGTAGAAGAGACTGTACTACAACAAA
CATATACACCTACAAGTATACATAGTAATAGTTTTAGTTAGTAGTGATATTTCTACTGCAA
CTGCAAAATACAACCTATTCCTTTTTAGTACTGGGTTAGACACACATCCTGGTCCAGATATTG
CTTTACCACTACCTTCTACAGAAACTATTTTTACACCAATAGTGCCATTACAGCCTGCTG
GTCCTATATATATTTATGGGTCAGGTTTTATATTACACCCTAGTTATTATTTGTTAAAGC
GCAAACGTAAACGTCTGTCATATTCCTTTACAGATGTGGCGACCTACTGATGCAAAGGTA
TACCTGCCCCCTGTGTCTGTGTCTAAGGTTGTAAGCACAGATGAATATGTAACAAGAACA
AATATATATTTATTATGCAGGTAGCACACGTTTGTGGCTGTGGGACACCCATATTTTCCT
ATCAAGGATTCTCAAAAACGTAAAACCATAGTTCCTAAAGTTTCAGGTTTGCAATACAGG
GTGTTTAGGCTTCGTTTACCAGATCCTAATAAATTTGGATTTCCAGATGCATCCTTTTAT
AATCCTGATAAGGAGCGCCTAGTATGGGCCTGTTCTGGTGTGGAGGTTGGACGTGGACAA
CCCTTAGGTATAGGTACTAGTGGCAATCCATTTATGAATAAATTAGATGATACTGAAAAT
GCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAGAATGTATGTCAGTGGATTAT
AAACAAACACAGTTTGTGTATTTTAGGTTGTAGGCCTCCCTTAGGGGAACATTGGGGTCCA
GGCACGCCATGTACTTCACAAACTGTTAATACTGGTGATTGTCCCCACTGGAATTAAAG
AACCCCCCTATACAGGATGGTGATATGATAGATGTTGGCTTTGGAGCCATGGATTTTAAA
GCTTTACAAGCAAATAAAAAGTGATGTACCTATTGATATTTCTAACACTACCTGTAAATAC
CCAGATTATTTAGGCATGGCTGCTGATCCCTATGGTGATTCCATGTGGTTTTATCTTCGT
AGGGAACAAATGTTTGTTCGACACTTATTTAACAGGGCTGGTGATACCGGTGATAAAATC
CCAGATGACCTAATGATTAAAGGCACAGGCAATACTGCAACACCATCCAGTTGTGTTTTT
TATCCTACACCTAGTGGTTCCATGGTTTCTTCAGATGCACAGTTGTTTAAATAAACCTTAT
TGGTTGCAAAAGGCACAGGGACAAAATAATGGTATTTGTTGGCATAATCAATTATTTTTTA
ACTGTTGTAGATACTACTAGAAGCACTAATTTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGT
AGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCTAATTTTTAAGGAATATTTAAGACATGCAGAAGAG
TTTGATTTACAGTTTGTTTTTTTCAGTTATGTAAAATTAGTTTAACTACTGAGGTAATGACA
TATATACATTCTATGAATTCTACTATATTGGAAGAGTGAATTTTGGTCTTACCCACCA
CCGTCAGGTACTTTAGAGGAAACATATAGATATGTAACATCACAGGCTATTAGTTGCCAA
CGTCCTCAACCTCCTAAAGAAACAGAGGACCCATATGCCAAGCTATCCTTTTGGGATGTA
GATCTTAAGGAAAAGTTTTCTGCAGAATTAGACCAGTTTCCTTTGGGAAGAAAATTTTTTA
TTACAACCTGGTATGCGTGCACGTCTAAGTTACAAGCTTCTAAACGTTCTGCATCTGCT
ACCACAAGTGCCACACCTAAGAAAAAACGTGCTAAACGATTTTAATAAGTGTAATGTGTA
TGTGTTGTTTGTGTATGTTACATGTGTTTTGTATGTTTGTGTTGTATGTTAACTGTT
TACTAATACTGTGTGTATGTTTATGTACATGTGTATAACTGTTTGTGTTTATATATATGTAT
GTATTTGTGTGTATGTGTATGTGTATGTGTATGTGTAGTAATGTTTGTATGTATGTTTAA
TAAAGTTTATATGTGTGTTGTGTGGGTGGTTTACTTGACTACTGTGCTTCCATTTTGTAT
AGTCGCCATTTTACATGCATTAAGGTAAAAAGGGCAACCGATTTTCGGTGCACAGTAAAA
CATGTTTTAATGTGTTTTGCTGTTGTAGCAAAATAGTTGTACTGTTTTTGGCTTCCTGCA
GGCAACTTGGCAGGGTTTGTTCCTTAACATGTTTCATCCACGCAAGGTTATAAAGGTAA
AAGGCGCCACCTGGCAGTTACTCATTTGTCTGCAATTATTTAAACAATGTCTTGCACACA
CATTTTTTACCCACCCTATCATAAAATTGCTTTTAAAGCACATACCTATACTATGTACACA
GTGTACTCTTGGCAGAACATTGTTTTTAAATGCCAAGTAATTGTTTTATAAATGAGTAA
TAACGTGTTACTCATACCTAAGCTAAAAAGTTAAACCTATTTGGATCACACAAATGCCAA
TTTATTTCTTATTTACAAATA

>gi|557236|emb|X77858.1|_HumanPapillomaVirusType59,_complete_viral_genome
GTTAAGACCGAAAACGGTGCATATAAAGGTAGTTGAAAAGAAAAGGGCAACGGCATGGCA
CGCTTTGAGGATCCTACACAACGACCATACAAACTGCCTGATTTGAGCACAAACATTGAAT
ATTCTCTGCATGATATTCGCATCAATTGTGTGTTTTGCAAAGGGGAAGTCAAGAAAGA
GAGGTATTTGAATTTGCTTTTAAATGACTTATTTATAGTGTATAGAGACTGTACACCGTAT
GCAGCGTGTCTGAAATGCATTTTCATTTTATGCAAGAGTAAGAGAATTAAGATATTATAGA

GATTCCGTGTATGGAGAAACATTAGAGGCTGAAACCAAGACACCGTTACATGAGCTGCTG
ATACGCTGTTATAGATGCCTAAAACCTCTATGTCCAACAGATAAATTAAAGCATATAACT
GAAAAAAGAAGATTCCATAATATAGCTGGAATATATACAGGACAGTGTCTGTGGGTGTCGG
ACCCGAGCAAGACACCTAAGACAGCAACGACAAGCGCGTAGTGAAACACTGGTGTAAAAC
AATGCATGGACCAAAAGCAACACTTTGTGACATTGTTTTAGATTTGGAACCACAAAATTA
TGAGGAAGTTGACCTTGTGTGCTACGAGCAATTACCTGACTCCGACTCCGAGAATGAAAA
AGATGAACCAGATGGAGTTAATCATCCTTTGCTACTAGCTAGACGAGCTGAACCACAGCG
TCACAACATTGTGTGTGTGTGTTGTAAGTGTAATAATCAACTTCAGCTAGTAGTAGAAAC
CTCGCAAGACGGATTGCGAGCCTTACAGCAGCTGTTTATGGACACACTATCCTTTGTGTG
TCCTTTGTGTGTCAGCAAACAGTAACCTGCAATGGCCGATTTCGGAAGGTACAGATGGGGA
AGGGACGGGGTGCAATGGATGGTTTTTTGTGTCAGGCAATAGTAGATAAAAAAACAGGTGA
CAAAATTTTCAGATGACGAGGATGAAAATGCAACAGATACAGGTTTCAGACTTGGTAGATTT
TATTGATGATACCACAACAATTTGTGTACAGGCAGAGCGCGAGACAGCACAGGCCTTGTT
TAATGTGCAGGAAGCCCAAAGGGATGCACGGGAAATGCATGTTTTAAACGAAAGTTTG
GTGCAGTATAGAAAACAGTAGTGAGAAAGCGGCGGCAGGAAAAAAGCTAAGTCACCATT
ACAAGAAATATCAGTAAATGTTAACCACCCAAAAGTAAAAAGAAGGTTAATAACAGTGCC
AGACAGCGGCTATGGCTATTCTGAAGTGGAATGCTCGAGACTCAGGTAACCGTGGAGAA
TACTGGAAATGGGGATAGCAATGGCAGTGTGTGTAGCGACAGTCAAATAGACTGTAGCGA
CAGCAGTAACATGGATGTTGAAAACATAGTTCCAACATCCCCACTAATCAATTGTTACA
GTTATTACATTAGCAAAAAAAGAAAGCAGCTATGTATGCAAAATTTAAAGAAATTGTATGG
GTTATCATTTCAAGATTTGGTTAGGACATTTAAAAGTGACAGAAGTACCTGTAGCGATTG
GGTAACCGCCATTTTTGGTGTTAATCCAACGTGTAGCAGAAGGATTTAAACATTAAATACA
ACCCTATGTGCTATATGCACATATACAATGCTTAGATTGTGCATGGGGAGTAGTAATATT
AGCATTATTAAGATATAAATGTGGAATAAAGTGAATAACAGTTGCAAAAAGGACTTAGCAC
ATTACTACATGTACCAGATACGTGCATGTTAATTGAACCACCCAAATTGCGTAGTGGTGT
TGCAGCACTATATTGGTACAGAACAGGAATGTCCAATATTAGTGAAGTTATAGGGGAAAC
GCCCGAATGGATACAAAGACTAACAATTATACAACATGGAGTTGATGATAGCGTGTTTGA
CCTGTGCAAAATGATACAATGGGCGTTTGATAATGACCTAACAGATGAAAGTGATATTGC
ATATGAATATGCATTAATAGCAGATAGTAATAGTAACGCCGCTGCATTTTTTAAAAGCAA
CTGCCAGGCAAAATACCTAAAAGATTGTGCAGTTATGTGTAGGCATTATAAAAGAGCACA
AAAAAGACAAATGAGTATGTCACAGTGGATAAAATGGAGATGTGATAAAATAGAAGAGGG
GGGAGATTGGAACCCATAGTACAATTTTTTAAGATATCAAGGAGTAGAATTTATAACGTT
TTTATGTGCATTTAAAGATTTTTTTAAAGGTACCCCAAAAGAAATTGCATTGTGCTGTG
TGGGCCAGCAAATACAGGCAAGTCATACTTTGGAATGAGCCTGCTACATTTTTTTACAAGG
AACTGTAATTTACATGTAAATTCAAATAGTCACTTTTGGCTAGAACCCTTAACAGATCG
TAAATTAGCTATGCTAGACGATGCAACAGATAGTTGTTGGACATATTTTGATACATATAT
GCGAAATGCTTTGGATGGCAATCCTATAAGTGTTAGATAGAAAGCATAGGCACCTAGTACA
AATTAAATGTCCACCAATGCTTATTACATCAAATACAAATCCAGTTACAGATAACAGGTG
GCCATATTTAAATAGCAGATTAATGGTATTTAAATTTCCAAACAAATTGCCATTTGACAA
AAATAGAAAATCCAGTATATACAATTAATGACAGAACTGGAAATGTTTTTTGAAAGGAC
GTGGTGCAGATTAGATTTGAACGAGGAAGAGGAAGATGCAGACAGTGATGGACACCCTTT
CGCAGCGTTTAAAGTGTGTACAGGATCAAAATATTAGAACATTATGAAAACGATAGTAAAG
ACATTAATGAACACATAAACTATTGGAACTGGTGCGTATGGAAAATGTAATTTTATTTG
CAGCAAGAGAGAACAAATATACATACATTAAACCACCAGGTGGTGCCAACGTTTTTGGTGT
CTAAAAACAAGGCATGTGAAGCTATTGAACTGCAGTCAAACCGTACTTCCACTGTAATGC
CCTGTTTTTTTAAACATTTTTTAGGTGCTGTTTGCCATAGTTCTTGCCATGTTTCTTGCA
TTGTCCATTGCTCATTTTTTAAACTCAGTTTGTGCCAAACTCTCTAACGCCATCTGCAGCA
AGGAAAACACAATGCATTACACAAGCTGGACATTTATATATTATGTAAATGATGTAGGAC
AGTGGTGTAAAACCACAGGAAATGTGGACTTTTGGGGACTATATTATAAAGTGGAAGAGG
AACAGGTGTACTATGTAAAATTTATACATGATGCCAAAAAATATGGGACTACAGACAAGT
GGGAAGTGCAATTATAATGGCAAGGTTATTGATTGTATGACTCTATGTGCAGTACCAGTG
ACGAGCAAGTATCCACTGCTGGATCTTCTGAGCAACTATCATACCCCCTCCGCAACGCCCC
CCGAAGCCACGTACTTGGGCCCCCAACGTTGGAACCGTCAGACGAAGACTGGAAAGCGAC
CAAGACAGTGTGGATACACACAGCACCCCTCAGTCTACCAGCGTGTGAGTGGACTACTGTG
ACAACCCAGTCGTCCGTTTGCATCCAGGCAACAACCCGCGACGGCACATCCCTTGCAGTA

ACACTACGCCTATAATACACTTAAAAGGTGACAAAAATGGCCTTAAGTGTTTAAGGTATA
GATTAAGAAAAGTACACTGGTTATTTGAAAATATTTCCCTCTACCTGGCATTGGACAGGAA
ACAGAGGATCAGCCAAAACAGGCATTTTAACATTAACATATACAAGCGAAACACAACGCA
ATGAATTTTGTAGATACTGTAAAAATTCCTAATAGTGTACAAATACATGTTGGGTATATGA
GTGTGTAATGGTTGTTATGCAAATGTAACACAAGCCAATACTGCTGCTATATTGTATAGC
TGAGGAAATGATAACCCCTGTATTTGTGTGTTGTGTTTGTGTTTGCTTGTGTGTGTGTTG
CAATGTCCCGCTTCTGCAATCTGTCTATATGTGTGCATATACATGGTTACTAGTATTTGT
GTATATTGTGGTTATCACCTCCTCATATGAGTGTTTTTTTACTATATATATTGTTTTTTAT
AATTCCACTGTTACTACTATATGCCCATGCAATACTGTCCATACAATAATTGCTGTATAT
TGTAATAATTACATTGCACCTGTATTGTACAGTATATTTTAAACACATTATTATTTTGTAG
GTGTTGGTTTTGTTACATTTATAATAAAACATGGTTTCCCATCGTGCTGCTCGTCGTAAA
CGTGCCTCAGCAACAGACTTATATAAAACTTGCAAGCAGGCAGGTACATGCCCTTCTGAT
GTTATTAATAAAGTTGAAGGTACAACCTTTAGCTGATAAAATATTGCAGTGGACCAGCCTA
GGAATATTTTGGTGGACTAGGTATTGGTACTGGATCTGGTACCGGTGGCAGAACAGGG
TACATACCTTTAGGGGGGCGTACAAACACTATAGTAGATGTATCGCCTGCTAAACCACCA
GTAGTTATTGAACCTGTTGGACCTACAGATCCATCTATAGTTACATTAGTTGAGGATTCT
AGTGTTATAACATCTGGAGCCCCCTGCCCCAACATTTACAGGTACTTCAGGATTTGAAATA
TCTACCTCTAGTACAACAACACCAGCTGTTTTGGATATAACCCCAACCTCTTCTGTTCAA
ATTAGAGCTCTAGTTTTTATAAATCCTGCATTTACAGACCCTTCTGTCATTGAGGTTCCC
CAAACAGGTGAAATTTCTGGTAAATATATAATTAGTACCCTACCTCTGGTGCACATGGC
TATGAAGAAATTCCAATGCAAACGTTTTGTACGGAAGGTACTGGTTTGAACCCATTAGC
AGTACCCCCAATCCAACAGTACGTCGTGGCTGGACCTAGATTGTACAGTAGGGCTAAT
CAACAAGTTCGGGTGTCTAACGCTGACTTTTTTAACACGTCCATCCACATTTGTTACATAT
GATAACCCCTGCTTATGATCCAATTGATACTACATTAACTTTTGACCCCTCATCAGAGGTT
CCAGACCCGGACTTTATGGATATAGTTTCGTTTGCATAGGCCTGCATTAACATCCAGACGC
AGCACTGTAAGGTTTAGTAGGCTAGGACAACGGGCAACCATGTTTACCCGTAGTGGTAAA
CAAATTGGGGCCCCGTGTACATTTTTTATCATGATATAAGCCCTATACCACATGCTGAAGAT
ATTGAATTGCAACCTCTTGTCTTCCCAGGCTGCTACTGATGATATATATGATATATAT
GCAGATATTACAGATGAAGCACCTACTAGTACTGCCAACACTGCATTTACAATTCCTAAA
TCTTCTTTTCAAAGTTTGTCAATTAACACGGTCGGCATCTAGCACCTTTTCAAATGTAAC
GTTCCCTTTGGCTACTGCCTGGGATGTTTCTGTAAATACAGGACCCGATATAGTTTTACCT
AATACTAATATTGTTGAACCCACTTATTCTACTACACCCTTTACCACCATACAGTCTATT
AATATAGAAGGCACAAATTATTTTTTATGGCCTATATATTATTTTTTACCTCGTAAACGT
AAACGTGTTCCCTATTTTTTTTACAGATGGCTCTATGGCGTTCTAGTGACAACAAGGTGTA
TCTACCTCCACCTTCGGTAGCTAAGGTTGTCAGCACTGATGAGTATGTCACCCGTACCAG
TATTTTCTACCACGCAGGCAGTTCCAGACTTCTTACAGTTGGACATCCATATTTTAAAGT
ACCTAAAGGTGGTAATGGTAGACAGGATGTTCCCTAAGGTGTCTGCATATCAATACAGAGT
ATTTAGGGTTAAGTTACCTGATCCCAATAAAATTTGGCCTTCCAGATAACACAGTATATGA
TCCTAACTCTCAACGCTTGGTCTGGGCCTGTGTAGGTGTTGAAATCGGTGCGGGGCAACC
TTTAGGGGTAGGACTCAGTGGTCATCCATTATATAATAAATTGGATGACACTGAAAACCTC
TCATGTAGCATCTGCTGTTGATACCAAAGATACACGTGATAATGTATCTGTGGATTATAA
ACAACTCAGCTGTGTATTATTGGCTGTGTACCTGCCATTGGAGAACACTGGACAAAGGG
CACTGCTTGTAAAGCCTACTACTGTGGTTCAGGGCGATTGTCCTCCACTAGAATTAATAAA
TACACCAATTGAAGATGGTGATATGGTAGACACAGGATATGGGGCTATGGACTTTAAATT
GTTGCAGGATAACAAAAGTGAAGTACCATTTGGATATTTGTCACTCTATTGTAAATATCC
TGATTATTTACAAATGTCAGCAGATGCTTATGGAGACAGTATGTTTTTTGTTTAAGGCG
AGAACAGGTTTTTGGCAGACATTTTTGGAATAGATCTGGTACTATGGGTGATCAACTTCC
TGAATCACTATATATTAAAGTACTGACATACGTGCCAACCAGGCAGTTATTTATATTCT
CCCTTCCCCAAGTGGGTCTGTGGTTACTTCTGATTACAAATTATTTAATAAACCATATTG
GCTGCACAAGGCTCAGGTTTTAAACAATGGTATATGTTGGCACAATCAATTGTTTTTAAC
AGTTGTAGATACCTACGCGAGCACCAATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTAT
TCCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTTAAAGAATATGCCAGACATGTGGAGGAATTTGA
TTTGCAGTTTATATTTCAACTGTGTAAAAATAACATTAACCTACAGAGGTAATGTCATACAT
TCATAATATGAATACCCTATTTTTGGAGGATTGGAATTTTGGTGTTACACCACCTCCTAC
TGCTAGTTTAGTTGACACATACCGTTTTGTTCATCTGCTGCTGTAACCTTGTCAAAAGGA

CACCGCACCGCCAGTTAAACAGGACCCTTATGACAAACTAAAGTTTTGGCCTGTAGATCT
TAAGGAAAGGTTTTCTGCAGATCTTGATCAGTTTCCTTTGGGACGTAAATTTTTATTGCA
ATTAGGAGCTAGACCTAAGCCCACTATAGGCCACGCAAACGTGCAGCGCCTGCCCCCTAC
CTCTACCCCATCACAAAACGTGTTAAGCGTCGCAAGTCTTCCAGAAAATAGTGTGTTT
GTTATGTGTTTGTATGTGTGCATGTTGTATGTTTTGTATTGTTTGCCTGTTTGTATGTTG
TGTATATGTACATGTTTGTGTGTCTGCTGTATGTGTGTATTTGTTTTTGTACATAATAAA
GTATGCATGACAGTTTCATGTGTGGTTGCACCCAATGAGTAAGGTACTGTCCCTTTATTG
TTTCTTTGTCCCTTATTACACATTATTACACATTGCCCCTACTTACATAGGTGTGTTTGTTC
CTTCATTTTGTCCCTGAATGTCCAGTTTTTGCATTTGCACATTATATGGCGTCCATTTTATC
CTTTAAATCCTCCATTTTGTCTGTGCAACCGTTTTCGGTTACCTTGGTTTAACTTACCTT
TTTGAACAATTAATCTGTTTAAACATCAGCAAAACAGTTAATCCCCATCTTGTTTCCTCC
TACACGCCTAGACTACTAACACAACCTTACAAACGCCAAATAGTTAGTCATCATCCTGTCC
AGGTGCACTCTAACAACTTGCATAACTTTGGTGGCGCCCTTGTTAATAAAACAGCTTT
TAGGCACATATTTTCACTGTTTTTACTACTTTAATTGCATAATTGGCTTGCAAACTACT
GTGCAATCCAAGAATGTGTCTATAATTTATTGTAAAAAACATGACTAAGGTTTTTGTTCAT
TGTTAAGCAACCGAAAAAGGTCGGGCAAGTACATGCACACTTCTACTTATTACTTTTTTA
CAATCATAGTAATAAAAAAAGGGTGTAAACCGAAAAACG

>gi|397053|emb|X74483.1|_Human_papillomavirus_type_56_genomic_DNA

GAAAGTTTCAATCATACTTTTATATATTGGGAGTGACCGAAAAGGGTTTAAAGCCGAAAA
CGGACATATAAAAGGCAGCTTATTCTGTGTGGACATATCCATGGAGCCACAATTCAACA
ATCCACAGGAACGTCCACGAAGCCTGCACCCTTGAGTGAGGTATTAGAAATACCTTTTAA
TTGATCTTAGATTATCATGTGTATATTGCAAAAAAGAACTAACACGTGCTGAGGTATATA
ATTTTGCATGCACCTGAATTTAAATTAGTGTATAGGGATGATTTTCCCTTATGCAGTGTGCA
GAGTATGTTTATTGTTTTATAGTAAAGTTAGAAAATATAGGTATTATGACTATTCAGTGT
ATGGAGCTACACTAGAAAGTATAACTAAAAAACAGTTATGTGATTTATTAATAAGGTGCT
ACAGATGTCAAAGTCCGTTAACTCCGGAGGAAAAGCAATTGCATTGTGACAGAAAAAGAC
GATTTTCATCTAATAGCACATGGTTGGACCGGGTCATGTTTGGGGTGCTGGAGACAAACAT
CTAGAGAACCTAGAGAATCTACAGTATAATCATGCATGGTAAAGTACCAACGCTGCAAGA
CGTTGTATTAGAACTAACACCTCAAACAGAAATTGACCTACAGTGCAATGAGCAATTGGA
CAGCTCAGAGGATGAGGATGAGGATGAAGTAGACCATTTGCAGGAGCGGCCACAGCAAGC
TAGACAAGCTAAACAACATACGTGTTACCTAATACACGTACCTTGTTGTGAGTGTAAAGTT
TGTGGTGCAGTTGGACATTCAGAGTACCAAAGAGGACCTGCGTGTTGTACAACAGCTGCT
TATGGGTGCGTTAACAGTAACGTGCCCCTCTGCGCATCAAGTAACTAACTGCAATGGCG
TCACCTGAAGGTACAGATGGGGAGGGGAAGGGATGTTGTGGATGGTTTGAAGTAGAGGCA
ATTGTAGAAAAAAAACAGGAGATAAAATATCAGATGATGAAAGTGACGAGGAGGATGAA
ATAGATACAGATTTAGATGGATTTATAGACGATTCATATATACAAAATATACAGGCAGAC
GCAGAAACAGTCAACAATTGTTGCAAGTACAAACAGCACATGCAGATAAACAGACGTTGC
AAAAACTAAAAAGAAAGTATATAGCTAGTCCATTAAGGGATATTAGTAATCAGCAAACCTG
TGTGCCGGGAAGGAGTAAACCGGAGGCTTATTTTATCAGACCTACAAGACAGCGGGTATG
GCAATACATTGGAACCTCTGGAAACACCAGAACAGGTAGATGAAGAGGTACAGGGACGTG
GGTGCGGGGAATACACAAAATGGAGGCTCACAAAACAGTACCTATAGTAACAATAGTGAGG
ACTCTGTAATACATATGGATATTGATAGAAACAATGAAACGCCAACACAACAATTGCAGG
ACTTGTTTAAAAGTAGCAATTTACAAGGTAAATTATATTATAAATTTAAAGAAAGTGTATG
GTATTCCATTTTCAAGATTGGTGCGTACGTTTAAAAGTGATAGTACATGTTGCAATGATT
GGATATGTGCTATATTTGGTGTTAATGAAACATTAGCCGAGGCACTAAAACTATAATAA
AACCACACTGTATGTATTATCATATGCAATGTTTAAACATGTACATGGGGGGTTATAGTAA
TGATGCTAATTAGATATACATGTGGCAAAAACAGAAAAACAATTGCAAAAGCATTAAGCT
CAATATTAAATGTACCACAGGAGCAAATGTTAATTCAACCACCAAAAAATACGAAGTCCTG
CTGTAGCTTTTATATTTTATAAAAACAGCAATGTCAAATATTAGTGATGTGTATGGAGACA
CACCAGAATTGGATACAAAGACAACACAATTGCAACACAGTTTACAGGATAGTCAATTTG
AATTATCTAAAAATGGTGCAGTGGGCATTTGATAATGAAGTAACAGATGATAGCCAAATTG
CGTTTTCAATATGCACAATTAGCAGATGTAGACAGCAATGCACAAGCCTTTTTTAAAAAGCA
ATATGCAGGCAAAATATGTAAAGGATTGTGGAATAATGTGTAGACATTATAAAAGGGCAC
AACAGCAACAAATGAATATGTGCCAGTGGATAAAGCACATATGTAGTAAAAACAGATGAAG
GGGGTGATTGGAAACCCATTGTACAATTTTAAAGATATCAAGGGGTCGATTTTCATTTTCAT

TTCTAAGTTACTTTTAAATTATTTCTACAAGGAACACCTAAACATAACTGTTTGGTACTTT
GTGGACCGCCAAATACAGGTAAATCATGCTTTGCTATGAGTCTTATAAAGTTTTTTCAAG
GGTCTGTCAATTCATTTGTGAATTCACAAAGCCACTTTTGGTTGCAGCCATTAGACAATG
CTAAACTTGGGTTGTTGGATGATGCAACAGAAATATGTTGGAAATATATAGACGATTATT
TAAGGAATTTGGTAGATGGAAATCCTATAAGTTTAGATAGAAAACATAAACAATTAGTAC
AAATAAAATGTCCACCATTACTAATTACAACCAATATAAATCCTATGCTAGATGCTAAAT
TACGATATTTACACAGTAGAATGTTAGTGTTCAGTTTCAAATCCATTTCCATTAGATA
ATAATGGTAATCCTGTATATGAATTAAGTAATGTAAACTGGAAATGTTTCTTTACAAGGA
CGTGGTCCAGATTAAATTTGGATAACGACGAGGACAAAGAAAACAATGGAGACGCTTTCC
CAACGTTTAAATGCGTGCCAGAACAAAATACTAGACTGTTTTGAAAAAGATAGTAGATG
TATTGCAGATCATATAGAATATTGGAAAAGCTGTGCGACATGAAAATGTGCTATACTATAA
AGCAAGAGAAAATGACATTACTGTACTAAACCACCAGATGGTGCCTTGTTTACAAGTATG
TAAAGCAAAAGCATGTAGTGCAATAGAAGTGCAAATAGCACTGGAATCATTAAGTACAAC
AATATATAACAATGAAGAGTGGACATTAAGAGACACATGCGAGGAACTATGGCTTACTGA
ACCTAAAAAATGCTTTAAAAAAGAAGGACAACATATAGAAGTATGGTTTGATGGTAGTAA
AAACAATTGTATGCAATATGTAGCCTGGAAATATATATATTACAATGGAGATTGTGGGTG
GCAAAAAGTGTGTTCTGGGGTAGACTATAGAGGTATATATTATGTACATGATGGCCACAA
AACATACTACACAGACTTTGAACAAGAGGCCAAAAAATTTGGGTGTAAAAACATATGGGA
AGTACATATGGAAAATGAGAGTATTTATGTCCTGACTCTGTGTCTAGTACCTGTAGATA
CAACGTATCCCCTGTTGAAACTGTTAACGAATACAACACCCACAAGACCACCACCACCAC
CTCCACGTCCGTGGGCAACCAAGACGCCGAGTATCCACAGACCAGGAAAACGACCCAG
ACTACGGGAATCAGAATTTGACTCCTCCAGAGAGTCCACGCAAAGTGTCACAACACA
CACACACATCAGCGACACAGACAATACCGACAGTAGAAGTAGAAGTATCAACAACAACAA
CCACCCTGGTGATAAGACTACGCCTGTAGTACATTTAAAAGGTGAACCTAACAGATTAAA
ATGTTGTAGATATCGATTTCAAAAATATAAAACATTGTTTGTGGATGTAACATCAACATA
TCATTGGACAAGTACAGACAATAAAAAATTATAGCATAATTACAATTATATATAAGGATGA
AACACAACGAAACAGCTTTTTAAGTCATGTAAAAATTCAGTAGTGTACAGGTTAGTTTG
GGACAAATGAGTTTTCCATAAAGTGCTGTATATATTGTATATACATTTGTGTTATTGTAA
CACACAAATACGTGAAGTGTACCTGCCATACATTGCTGCTACGCATATATATTGCAACCA
TTGATTTTTGTGTTATTGGTGTGTTTGCGCTTTGCTTTTGTGTTTGTGTTGCTGTGTGTC
ATGTTGTCCCGCTTTTGCTATCTGCCTCTGTGTTTTCCAGTTGTATATTATTAATAATAT
TGTTTTGGTTTGTATAGCCACATCCTTTTTTAATACATTTATAATATTTTGTATTTTT
TTTACTGTCTGTGCTGTGTATATATTACATGCTTTGTGGATAATAAATAATATGTAAA
TGTAGTAGTACTGTTACTACTATGGTTGCCACCGTGCCACACGACGCAAACGCGCATCT
GCAACACAACATATATAAAACATGTAAGTTGTCTGGTACATGTCCAGAGGATGTTGTTAAT
AAAATAGAGCAAAAACATGGGCTGATAAAATATTGCAATGGGGAAGTTTATTTACATAT
TTTGGAGGCCCTTGGCATTGGTACAGGAACCTGGGTCTGGGGGTGCGTCAGGCTATGTTCCA
TTGGGGTCTAGGCCTTCCACAATAGTTGATGTAACCTCCGGCGCGACCACCTATTGTTGTG
GAATCCGTAGGGCTTACAGACCCTTCCATTGTTACATTAGTTGAGGAGTCCAGTGTTATA
GAATCTGGTGCAGGGATTCTTAATTTTACTGGGTCTGGGGGATTTGAAATTACATCCTCA
TCAACAACATACACCTGCCGTGTTGGATATTACACCAACCTCTAGTACTGTACATGTCAGT
AGTACCCATATAACCAATCCGTTATTTATTTGATCCCCCTGTTATTGAGGCCCCACAAACA
GGCGAGGTGTCTGGCAATATTTTAATTAGCACACCCACATCTGGTATACATAGCTATGAA
GAAATACCTATGCAAACATTTGCTGTTTACGGTTCTGGTACAGAACCTATTAGTAGTACT
CCTATTCCAGGCTTTAGGCGTATTGCAGCTCCTAGATTATATAGAAAAGCATTTTCAGCAG
GTTAAGGTAACTGACCCTGCATTTCTTGATAGACCTGCAACATTAGTATCTGCTGATAAT
CCACTTTTTGAAGGTACTGACACATCTTTAGCTTTTTCTCCGTCGGGTGTGGCTCCTGAC
CCTGATTTTATGAATATAGTAGCATTACATAGGCCTGCATTTACTACACGTAGGGGTGGT
GTACGTTTTAGTAGGCTTGGCAGAAAGGCTACTATACAACACGTAGAGGCACACAAATA
GGTGGCCGTGTGCAATTATTATTATGATATAAGTCCATTATGCACAGGCTGAGGAAATTGAA
ATGCAGCCATTATTGTCTGCAAATAATTCTATTGATGGCCTATATGATATTTATGCAAAT
ATAGATGATGAAGCACCTGGTTTGTCTAGCCAGTCAGTTGCTACACCTTCTGCACACTTA
CCTATAAAAGCCTTCCACATTGTCTTTTGCTAGTAACACCCTAATGTAACCTGCCCCTTTA
GGTAATGTGTGGGAAACACCATTTTATTCAGGTCCTGACATAGTGTGCTTACAGGCCCC
AGTACGTGGCCCTTTGTTCTCAGTCTCCTTATGATGTTACCCATGATGTATATATACAG

GGATCCTCCTTTGCATTATGGCCTGTGTATTTTTTTTAGACGTAGGCGCCGTAAACGTATT
CCCTATTTTTTTTGCAGATGGCGACGTGGCGGCCTAGTGAAAATAAGGTGTATCTACCTCC
AACACCTGTTTCAAAGTTGTGGCAACGGATTCCCTATGTAAAACGCACTAGTATATTTTA
TCATGCAGGCAGTTCACGATTGCTTGCCGTAGGACATCCCTATTACTCTGTGACTAAGGA
CAATACCAAAAACAAACATTCCCAAAGTTAGTGCATATCAATATAGGGTATTTAGGGTACG
GTTGCCCCGACCCTAATAAGTTTGGGCTTCCAGATACTAATATTTATAATCCGGACCAGGA
ACGGTTAGTGTGGGCATGTGTAGGTTTGGAGGTAGGCCGCGGACAGCCTTTAGGTGCTGG
GCTAAGTGGCCATCCATTGTTTAATAGGCTGGATGATACTGAAAGTTCCAATTTAGCAAA
TAATAATGTTATAGAAGATAGTAGGGACAATATATCAGTTGATGGCAAGCAAACACAGTT
GTGTATTGTTGGATGTACTCCCGCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGTGTAA
GTCCACACAAGTTACCACAGGGGACTGCCCCCTCTTGCATTAATTAATACACCTATAGA
GGATGGGGACATGATAGACACAGGATTTGGCGCTATGGACTTTAAGGTGTTGCAGGAATC
TAAGGCTGAGGTACCTTTAGACATTGTACAATCCACCTGTAAATATCCTGACTATTTAAA
AATGTCTGCAGATGCCTATGGTGATTCTATGTGGTTTTACTTACGCAGGGAAACAATTATT
TGCCAGACATTATTTTAATAGGGCTGGTAAAGTTGGGGAAACAATACCTGCAGAGTTATA
TTTAAAGGGTAGCAATGGTAGAGAACCCCTCCGAGTTCTGTATATGTTGCTACGCCTAG
TGGGTCTATGATTACGTCTGAGGCACAGTTATTTAATAAACCTTATTGGTTGCAACGTGC
CCAAGGCCATAATAATGGCATTGTGCTGGGGTAATCAATTATTTGTTACTGTAGTAGATAC
TACGAAAAGTACTAACATGACTATTAGTACTGCTACAGAACAGTTAAGTAAATATGATGC
ACGAAAAAATTAATCAGTACCTTAGACATGTGGAGGAATATGAATTACAATTTGTTTTTCA
ATTATGCAAAAATTACTTTGTCTGCAGAGTTTATGGCATATTTACATAATATGAATGCTAA
CCTACTGGAGGACTGGAATATTGGGTTATCCCGCCAGTGGCCACCAGCCTAGAAGATAA
ATATAGATATGTTAGAAGCACAGCTATAACATGTCAACGGGAACAGCCACCAACAGAAAA
ACAGGACCCATTAGCTAAATATAAATTTTGGGATGTTAACTTACAGGACAGTTTTTCTAC
AGACCTGGATCAATTTCCACTGGGTAGAAAAATTTTTAATGCAACTGGGCACTAGGTCAA
GCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCCTACCTCCACCTCTACACCAGCAA
ACGTAAAAGGCGGTAGTGTGTTGTTGTGTGTTTGTGTAAGTGTGTTTGTGTGTTGTATAT
ATGGTATGTTTGTGTATGTGCTTTATTTTATACTTTGTATGTGTATGTTGTGTTTGTGTA
AATGTTTGTGTGAAATGTTTGTGTGTGTATTCAATTGTATGTATGACTGTATATATGTGTA
ATGTTTGTGTGCTGTGAATAAACATGAATGAGTGCTTTTACGCGTGGTTGCATAAACTAA
GGTGTGTCATTATTGTGGCTTTTGTGTTTGTAAAGTTATTGTGTACAGTGTACTATGTGTAT
TGTGCATACATATATATACCATAACATACTCCATTTTGTGTTTTTCCGCCATTTTGTAC
ATGCAACCGAATTCGGTTGCATGGCCTAGTGCCATTATTTAAACTAAAAGGAATTCGGTT
GCATGGCCTAGTGCCATTATTTAAACCAAAAGGCCCTTTTCAGCAGAACAGTTAATCCTT
TGGCATATTGCCGTTTCTGTGTTTTATACTTGAATTATGTACAGTACCGCACCTGTAT
TACTCACAGGTACTATGACTGCCAATATGCTTTTATCTGCATACTTTAGTGCTGTTGGG
CACACATTTTTATACATGTGTCTGCAACTTTGGTGTTTTGGCTTGCAGAATACACTATGT
AGGCCAAGTATCTGTCAAGTATCTGTTTTGCAAACATGTAACATACAATTACTCATTTTTT
AAAACCGTTTACGGTCGTGCAAAAACAGGTTTCTTTTAATTGTT

>gi|397038|emb|X74481.1|_Human_papillomavirus_type_52_genomic_DNA

TAAATTATAATCTTATACTAGTAAAAAATAGGGTGTAAACCGAAAACGGTCAGACCGAAAC
CGGTGTATATATATAGAACACAGTGTAGCTAACGCACGGCCATGTTTGAGGATCCAGCAA
CACGACCCCGGACCTGCACGAATTGTGTGAGGTGCTGGAAGAATCGGTGCATGAAATAA
GGCTGCAGTGTGTGCAGTGCAAAAAAGAGCTACAACGAAGAGAGGTATACAAGTTTCTAT
TTACAGATTTACGAATAGTATATAGAGACAATAATCCATATGGCGTGTGTATTATGTGCC
TACGCTTTTTATCTAAGATAAGTGAATATAGGCATTATCAATATTCAGTGTATGGGAAAA
CATTAGAAGAGAGGGTAAAAAAACCATTAAGTGAATAAATATTAGATGTATAATTTGTC
AAACGCCATTATGTCTTGGAAGAAAAAGAAAGACATGTTAATGCAACAAGCGATTTCATA
ATATTATGGGTCGTTTGGACAGGGCGCTGTTTCAGAGTGTTGGAGACCCCGACCTGTGACCC
AAGTGTAAACGTATGCGTGGAGACAAAGCACTATAAAAGATTATATATTAGATCTGCAA
CCTGAAACAACCTGACCTACACTGCTATGACCAATTAGGTGACAGCTCAGATGAGGAGGAT
ACAGATGGTGTGGACCGGCCAGATGGACAAGCAGAACAAGCCACAAGCAATTACTACATT
GTGACATATTGTACAGTTGTGATAGCACACTACGGCTATGCATTCATAGCACTGCGACG
GACCTTCGTACTCTACAGCAAATGCTGTTGGGCACATTACAAGTTGTGTGCCCCGGCTGT
GCACGGCTATAAACAACCCTGCAATGGAGGACCTGAAGGTACAGAGGGCGAAAGGGAGG

GATGTACAGGCTGGTTTGAAGTAGAGGCAATAATAGAAAAACAAACAGGAGATAACATTT
CAGAGGACGAGGATGAAAATGCATATGATAGTGGAACAGATCTAATAGATTTTATAGATG
ATTCAAATATAAATAATGAACAGGCAGAACATGAGGCAGCCCGGCATTGTTTAATGCAC
AGGAAGGGGAGGATGATTTACATGCTGTGTCTGCAGTAAAACGAAAGTTTACAAGCAGTC
CGGAAAGTGCTGGGCAAGATGGTGTAGAAAAACATGGTAGTCCGCGTGCAAAACACATTT
GTGTAAATACAGAGTGTGTTTTACCAAACGCAAACCATGTACGTAGAAGACAGCGGCT
ATGGCAATAGTGAAAGTGAAGCGCAGCAGATGGCAGACCAGGTAGACGGGCAAAATGGCG
ACTGGCAAAAGTAACAGTAGTCAATCAAGTGGGGTGGGGGCTAGTAATTCAGATGTAAGTT
GTACTAGTATAGAGGACAATGAGGAAAAATAGTAATAGAACGCTAAAAAGCATACAAAATA
TTATGTGCGAAAAATAGCATAAAAACAACCTGTATTATTTAAATTTAAAGAAACATATGGTG
TTAGCTTTTATGGAATTAGTAAGACCATTTAAAAGTAATAGAAGTAGTTGTACAGATTGGT
GTATTATAGGAATGGGAGTAACACCATCAGTTGCAGAAGGATTAAGTATTAATACAGC
CCTATAGCATATATGCCCATTTGCAATGTTAACATGTGACAGAGGCGTGCTTATACTGC
TGCTAATTAGGTTTAAATGTGGAAAAACAGATTAACAGTGTCCAACTAATGTCACAGC
TGTTAAATATACCAGAAACACATATGGTAATAGAACCACCAAATACGAAGTGCTACCT
GTGCATTATATTGGTATAGAACAGGTTTGTCTAATATTAGTGAGGTATATGGTACCACCC
CAGAATGGATAGAACAAACAAACAGTATTACAGCATAGCTTTGACAATAGCATATTCGATT
TTGGAGAAATGGTGCATGGGCATATGATCATGATATAACAGATGATAGTGACATAGCAT
ATAATATGCACAGTTAGCAGATGTAAATAGCAATGCTGCAGCATTCTTAAAAAGCAATT
CGCAAGCAAAAAATAGTAAGGACTGTGCAACCATGTGTAGACATTATAAACGGGCAGAAA
GAAACATATGAATATTGGACAATGGATACAGTATAGATGTGATAGAAATAGATGATGGTG
GAGATTGGAGGCCTATAGTAAGATTTTTAAGATATCAAGACATAGAATTTACAGCCTTTT
TAGACGCATTTAAAAAATTTTTAAAGGTATACCTAAAAAATTTGTTTAGTATTATATG
GACCTGCAAAACACAGGAAATCATATTTTGGAAATGAGTTTAATTAGGTTCTTAAGTGGAT
GTGTAATATCCTATGTAAACTCAAAAAGCCATTTTTGGCTACAACCATTAAACAGATGCAA
AAGTGGGTATGATAGATGATGTAACACCTATATGTTGGACATATATAGATGATTATATGA
GAAATGCACTGGATGGAAATGATATATCAGTAGATGTAAAGCATAGAGCCTTAGTACAAA
TAAATGCCACCATTAAATTTTAAACAACAAATACAAATGCAGGAACAGATCCTAGGTGGC
CATATTTACATAGTAGATTGGTTGTGTTTCATTTCAAAAACCCATTTCCATTTGATGAAA
ATGGCAATCCTATATATGAAATTAACAACGAAAATTGGAAATCCTTTTTCTCAAGGACGT
GGTGCAAAATTAGATTTAATACAGGAAGAGGACAAGGAAAACGATGGAGTCGATACCGGCA
CGTTTTAAATGCAGTGCAGGAAAAAATACTAGATCTATACGAAGCTGATAGTAATGACCTA
AACGCACAAATTGAACATTGGAAATTGACTCGAATGGAATGTGTTTTGTTTTACAAAGCA
AAGGAAGTGGGAATAACTCATATAGGCCACCAGGTGGTGCCACCAATGGCAGTGTCTAAG
GCAAAGGCCTGCCAAGCTATTGAACTACAATTGGCATTGGAGGCATTAAACAAAACACAA
TATAGCACAGATGGATGGACATTACAACAAACAAGTCTAGAAATGTGGCGTGACAGAACCA
CAAAAATACTTTAAAAAACATGGGTATACAATAACAGTGCAATACGATAATGATAAAAAAC
AATACTATGGATTATACAAACTGGAAGGAAATTTATTTACTTGGTGAGTGTGAATGTACA
ATTGTAGAAGGACAAGTAGATTACTATGGGTTATATTATTGGTGTGATGGAGAAAAAATA
TATTTTGTAAAAATTTAGTAACGATGCAAAGCAATATTGTGTAACAGGAGTATGGGAAGTA
CATGTGGGTGGTCAGGTAATTGTTTGTCTGCATCTGTATCTAGTAACGAAGTATCCACT
ACTGAAACTGCTGTCCACCTATGCACCGAAACCTCCAAGACCTCCGCAGTGTCCGTGGGT
GCCAAAGACACACACCTACAACCACCACAGAAACGACGACGACCAGACGTCACAGACTCC
AGAAACACCAAGTACCCCAACAACCTTTTGCGGGGACAACAATCCGTGGACAGTACTACA
CGGGGACTCGTCACTGCAACTGAGTGCACAAACAAAGGACGGGTTCACATACAACCTTGT
ACTGCACCTATAATACACCTAAAAGGTGATCCTAATAGTTTAAATGTTTAAAGATATAGG
GTAAAAACACATAAAAGTTTGTATGTTCAAATTTTCATCTACCTGGCATTGGACCAGTAAT
GAATGTACAAATAATAAACTAGGTATTGTAACAATAACGTACAGTGATGAAACACAACGT
CAACAATTTTTTAAAAACTGTTTAAATAACAAATACGTGTGCAAGTTATACAAGGTGTCATG
TCATTGTGATATTTGTACATATGTATATATGTATATGTGTATGGTAAACACCAACACAA
GCCAATATTGCTGCTATTGTGTATATATAACAATGTTAGGATTATTTGTATTTTGTTTTA
TTTTTGCTTATGGTGTTTTTGTGCAGTGCTTAGGCCGCTCTTGCTATCTATATCGGTGTATG
CGCAGGTGTTGGTGTGGTGCTTTTTGCTATGGGTATCTATTGGGTCAACATTTAAAGTGT
TTTTTTTGTACCTACTGTTTTTATATTTTCCAATGTTTTGTATTCACTGTCATGCACAGT
ATTTGGCACAACCTGCAATAACTGTACATGTAGATTGGCTACATGCATATATGCAAAATAT

ACTTTTTCACTTTTGTAGTTTGTCTAATAAAATACTTTTATATTTTTTAATAGCTTGTCGC
AATGAGATACAGACGGTCTACACGGCACAAACGTGCTTCTGCAACACAGCTATATCAAAC
ATGCAAAGCCTCTGGCACCTGCCCCCGATGTTATTCCCTAAAGTGGAAGGCACAACCTAT
TGCAGATCAACTTTTTAAAATATGGCAGCCTAGGGGTGTTTTTTGGAGGTTTGGGTATAGG
TACAGGTGCAGGCTCTGGTGGTAGGGCAGGCTATGTGCCATTGTCCACTCGTCCTCCCAC
TAGTAGTATTACCACGTCCACCATTTCGTCCCCCTGTAAGTGTAGAACCCATTGGTCCCTT
AGAACCATCTATAGTTTCTATGATAGAAGAAACAACATTTATTGAGTCTGGCGCACCTGC
TCCATCTATTCCATCAGCAACAGGGTTTTGATGTTACAACATCTGCAAATAAATACTCCTGC
AATAATTAATGTAACATCTATAGGTGAATCATCTGTACAATCAGTTTCTACACATTTAAA
TCCTACATTCACTGAACCATCTATAATACAGCCCCGGCACCTGCAGAAGCATCTGGTCA
TGTATTGTTTTCTAGTCCAACCTATTAGTACACACACCTATGAAGAAATCCCTATGGATAC
ATTTGTTACCTCTACTGACAGCAGCAGTGTAACAAGTAGTACACCTATTCCAGGGTCTCG
CCCTACGACACGCCTTGGTTTATATAGCCGTGCCACACAACAGGTTAAGGTAGTCGACCC
TGCTTTTATGTCATCACCACAGAAATTAGTAACATATAACAATCCTGTTTTTGAGGGCGT
TGATACAGATGAACTATAATTTTTGATCGTTCACAACTTTTACCTGCACCGGATCCTGA
TTTTTTAGACATTATAGCTTTGCATAGGCCTGCATTAACCTCTCGAAGAGGTACTGTTAG
GTTTAGCAGGCTTGGTAATAAGGCCACCCTACGTACACGTAGTGGAAAACAAATTGGGGC
ACGGGTACATTATTATCATGATATTAGTCCATCCAGCCTGCTGAAGTTCAGGAAGACAT
AGAATTGCAACCTTTATTACCACAGTCTGTGTCCCTTACACTATTAATGATGGTTTGTA
TGATGTGTATGCAGATTCTTTGCAGCAACCCACGTTTCACTTACCTTCCACACTTTCTAC
CCATAATAATACTTTCACTGTACCTATTAATAGTGGTATTGACTTTGTATATCAACCCAC
TATGTCCATTGAGTCAGGTCCTGACATTCCATTACCTTCGTTACCCACACATACTCCTTT
TGTTCCCTATAGCCCCCTACAGCTCCATCTACATCTATTATTGTTGATGGTACAGATTTTAT
TTTACATCCTAGTTATTTTTTTACTACGTCGCAGGCGTAAACGTTTTCCATATTTTTTTTAC
AGATGTCCGTGTGGCGGCCTAGTGAGGCCACTGTGTACCTGCCTCCTGTACCTGTCTCTA
AGGTTGTAAGCACTGATGAGTATGTGTCTCGCACAAAGCATCTATTATTATGCAGGCAGTT
CTCGATTACTAACAGTAGGACATCCCTATTTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAATG
GTAAAAAAGTTTTAGTTCCCAAGGTGTCTGGCCTGCAATACAGGGTATTTAGAATTAAAT
TGCCGGACCCCTAATAAATTTGGTTTTCCAGATACATCTTTTTTATAACCCAGAAACCCAAA
GGTTGGTGTGGGCCTGTACAGGCTTGGAATTTGGTAGGGGACAGCCTTTAGGTGTGGGTA
TTAGTGGGCATCCTTTATTAAACAAGTTTGATGATACTGAAACCAGTAACAAATATGCTG
GTAAACCTGGTATAGATAATAGGGAATGTTTATCTATGGATTATAAGCAGACTCAGTTAT
GCATTTTAGGATGCAAACCTCCTATAGGTGAACATTGGGGTAAGGGAACCCCTTGTAATA
ATAATTCAGGAAATCCTGGGGATTGTCTCCCTACAGCTCATTAACAGTGTAATACAGG
ATGGGGACATGGTAGATACAGGATTTGGTTGCATGGATTTTAATACCTTGCAAGCTAGTA
AAAGTGATGTGCCATTGATATATGTAGCAGTGTATGTAAGTATCCAGATTATTTGCAAA
TGGCTAGCGAGCCATATGGTGACAGTTTGTTCTTTTTTCTTAGACGTGAGCAAATGTTTG
TTAGACACTTTTTTAATAGGGCCGGTACCTTAGGTGACCCTGTGCCAGGTGATTTATATA
TACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCCACTGTACAAAGCAGTGCTTTTTTTCTCTACTC
CTAGTGGTTCTATGGTAACCTCAGAATCCCAATTATTTAATAAAACCGTACTGGTTACAAC
GTGCGCAGGGCCACAATAATGGCATATGTTGGGGCAATCAGTTGTTTGTACAGTTGTGG
ATACCACTCGTAGCACTAACATGACTTTATGTGCTGAGGTTAAAAAGGAAAGCACATATA
AAAATGAAAATTTTAAGGAATACCTTCGTATGGCGAGGAATTTGATTTACAATTTATTT
TTCAATTGTGCAAAATTACATTAACAGCTGATGTTATGACATACATTCATAAGATGGATG
CCACTATTTTAGAGGACTGGCAATTTGGCCTTACCCACCACCGTCTGCATCTTTGGAGG
ACACATACAGATTTGTCACTTCTACTGCTATAACTTGTCAAAAAAACACACCACCTAAAG
GAAAGGAAGATCCTTTAAAGGACTATATGTTTTGGGAGGTGGATTTAAAAGAAAAGTTTT
CTGCAGATTAGATCAGTTTCCCTTTAGGTAGGAAGTTTTTTGTTACAGGCAGGGCTACAGG
CTAGGCCCAAACTAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGAAGAAAA
AGGTTAAAAGGTAACCATTGTCTGTTGGGTAATTGTCTGTGTGCATGTATGTGTGTGTAT
GTCAAACACAGGTTAAAAGGTAACCATTGTTTGTATGTAATTGTTTTGTGTGTGTACTG
TGTTGTTTGCATGTTATGTATGTGTGTGCATGTTTTGTTGTAATTTGTGAGTTCCCTGTATGT
ATGTTTTGTGTATGTATTAATAAAGTACTGTATTTACTAAACTATTTATAGTAGTCTTAT
GTTATGTTATGGTTGCACCCACATGAGTAACAATACAGTTGCTCCTAATCTATTGCATCT
CCTGCCCTACCCTGTGTCCCCTGCCCTACCCTGTGTCCTACTTTGTTACACTACTAATTA

GCCTTATACTCTCCATTTTGTACCATTTTGTACTATCCACCATTTTAAATCCTAACCGAA
TTCGGTTGGTCTTGGCACAACCTTTGGTTGTCTTGGCACAGTAACAACCTATTTTTATATA
AGTTTCAGCAAACCTGCTTAATCCTTTGGTTTCTTGCAGTCCACTGGTCTACACTTGTGT
CCCGCCTAAACCTGACTTCTTGTGACTCACAGGTCCTGCAGTGCAGCTAAACAATACATT
GCCTAACATTGCATGTTTTAAACTGCTTTTAGGCACATATTTTATTTAACTTTCAATGC
ACTAATTACAGTGTGGCTTACACAAGTACATCCTACGCCAAATATGTCTTGTAACAT
GATTAAATACTGTTACTCACCAGGTGTGCACTACACGACCGGTTACGGTTACCGTACCCA
CAACCACTTTTTTTTATAATTA
>gi|397022|emb|X74479.1|_HumanPapillomavirusType45GenomicDNA
ATACTTTTAACAATTATACTACATAAAAAAGGGTGTAAACGAAAACGGTTGCAACCAA
AACGGTGCATATAAAAGCTTTGTGGAAAAAGTGCAATTACAGGATGGCGCGCTTTGACGATC
CAAAGCAACGACCCTACAAGCTACCAGATTTGTGCACAGAATTGAATACATCACTACAAG
ACGTATCTATTGCCTGTGTATATTGCAAAGCAACATTGGAACGCACAGAGGTATATCAAT
TTGCTTTTAAAGATTTATGTATAGTGTATAGAGACTGTATAGCATATGCTGCATGCCATA
AATGTATAGACTTTTATTCCAGAATTAGAGAATTAAGATATTATTCAAACCTCTGTATATG
GAGAGACACTGGAAAAATAACTAATACAGAGTTGTATAATTTGTTAATAAGGTGCCTGC
GGTGCCAGAAACCATTTGAACCCAGCAGAAAAACGTAGACACCTTAAGGACAAACGAAGAT
TTCACAGCATAGCTGGACAGTACCGAGGGCAGTGTAATACATGTTGTGACCAGGCACGGC
AAGAAGACTTCGCAGAGCTAGGGAAACACAAGTATAGCAATAAGATATGCATGGACCCCG
GGAACACTGCAAGAAATTGTATTGCATTTGGAACCTCAGAATGAATTAGATCCTGTTGA
CCTGTTGTGTACGAGCAATTAAGCGAGTCAGAGGAGGAAAACGATGAAGCAGATGGAGT
TAGTCATGCACAACCTACCAGCCGACGAGCCGAACCACAGCGTCACAAAATTTTGTGTGT
ATGTTGTAAGTGTGACGGCAGAATTGAGCTTACAGTAGAGAGCTCGGCAGAGGACCTTAG
AACACTACAGCAGCTGTTTTTGTGACACCTTGTCTTTGTGTGTCCGTGGTGTGCAACTAA
CCAATAATCTACAATGGCGGATCCAGAAGGTACCGACGGGGAGGGAACGGGGTGTAAATGG
CTGGTTCTTTGTAGAAACAATTGTAGAGAAAAAACAGGGGATGTAATATCAGATGATGA
GGATGAAACTGCAACAGATACAGGGTCGGATATGGTAGATTTTATTGACACACAATTATC
CATTTGTGAACAGGCAGAGCAAGAGACAGCACAGGCATTGTTCCATGCGCAGGAAGTTCA
GAATGATGCACAGGTGTTGCATCTTTTAAACGAAAGTTTGAGGAGGCAGCAAGGAAAA
CAGTCCATTAGGGGAGCAGCTAAGTGTGGATACGGATCTAAGTCCACGGTTACAAGAAAT
TTCATTAAATAGTGGGCACAAAAAAGCAAAACGACGGTTGTTTACAATATCAGATAGTGG
CTATGGCTGTTCTGAAGTGAAGCTGCAGAGACTCAGGTAACGTAAACACTAATGCGGA
AAATGGCGGCAGTGTACATAGTACACAAAGTAGTGGTGGGGATAGTAGTGACAATGCAGA
AAATGTAGATCCGCATTGCAGTATTACAGAACTAAAGGAGCTATTACAAGCAAGTAACAA
AAAGGCTGCAATGCTGGCAGTATTTAAAGACATATATGGGCTGTCATTTACGGATTTGGT
TAGAAATTTTAAAGTGATAAAACAACATGTACAGATTGGGTAATGGCTATATTTGGAGT
TAATCCAACGGTAGCAGAAGGCTTTAAACATTAATTAAACCAGCAACGTTATACGCCCA
TATCCAATGTTTAGATTGTAAATGGGGAGTATTAATATTAGCTTTATTAAGATATAAATG
TGGCAAAAATAGACTAACTGTTGCAAAAAGGCTTAAGCACATTGTTGCACGTACCTGAAAC
ATGTATGTTAATTGAACCACCAAAATTCGGAAGTAGTGTGTCAGCATTATACTGGTATAG
AACAGGTATATCCAATATTAGTGAAGTAAGTGGAGACACACCTGAGTGGATACAAAGACT
GACAATTATTCAACATGGTATTGACGATAGTAATTTGATTTGTGTCAGACATGGTGCAATG
GGCATTGTGATAATGACCTTACAGATGAAAGTGATATGGCATTTCATATGCCCAATTAGC
AGACTGCAACAGTAATGCAGCTGCATTTTAAAAAGTAACTGCCAAGCCAAATATTTAAA
AGATTGTGCTGTAATGTGTAGACATTATAAAAGAGCACAAAAACGCCAAATGAATATGTC
TCAATGGATTAAATATAGATGTTCCAAAATAGATGAAGGTGGGGATTGGAGACCCATAGT
ACAATTCCTAAGATATCAGGGAGTAGAATTTATTAGCTTTTTAAGGGCACTAAAGGAATT
TCTTAAAGGAACACCAAAAAAAATTTGTATACTGTTATATGGACCTGCAAAATACAGGAAA
ATCGTATTTTGGAAATGAGTTTTTATACATTTCTTACAAGGTGCAATAATATCATTGTAA
TTCAACAGCCATTTTGGTTAGAACCGTTAGCAGATACTAAGGTAGCCATGTTGGATGA
TGCCACACACAGTGTGGACATATTTTGATAATTATATGAGAAATGCATTAGATGGTAA
TCCTATAAGTATAGACAGAAAGCATAAACCATTTATTACAGCTAAAATGTCTCCAATCCT
ATTAACATCCAATATTGATCCAGCAAAAAGATAATAAATGGCCATATTTAGAAAGTAGGGT
GACGGTATTTACATTTCCACATGCATTTCCATTTGATAAAAATGGTAATCCAGTATATGA
AATAAATGATAAAAATTGAAATGTTTTTTTGAAGGACATGGTCCAGATTAGATTTGCA

CGAGGACGATGAAGATGCAGACACCGAAGGAATCCCTTTCGGAACGTTTAAGTGC GTTAC
AGGACAAAATACTAGACCACTATGAAAATGACAGTAAAGACATAAACAGCCAAATAAGTT
ATTGGCAACTTATACGTTTGGAAAATGCAATACTATTTACAGCAAGGGAACATGGTATTA
CCAAACTAAACCACCAGGTGGTGCCTCCTATTAACATTTCAAAAAGCAAAGCACATAAAG
CTATTGAACTGCAAATGGCCTTAAAGGGCCTTGACAAAAGCAAGTATAACAATGAGGAAT
GGACACTGCAAGATACATGCGAGGAACTATGGAATACAGAACCGTCGCAGTGTTTTAAAA
AAGGCGGTAAAACCGTGCACGTATACTTTGATGGCAACAAGGACAACGTATGAACATATG
TAGTATGGGACAGTATATATTATATAAAGTGAAGACAGGGATATGGGACAAAACAGCAGCAT
GTGTTAGCTATTGGGGTGTATATTATATAAAAAGATGGAGATACCACATATTATGTACAAT
TAAAAAGCGAATGTGAGAAATATGGAAATAGTAATACGTGGGAAGTACAATATGGGGGCA
ATGTAATTGATTGTAATGACTCTATGTGCAGTACCAGTGACGACACGGTATCCGCTACTC
AGATTGTTAGACAGCTACAACACGCCTCCACGTCGACCCCCAAAACCGCATCCGTGGGCA
CCCCAAAACCCACATCCAGACGCCGGCTACTAAGCGACCTAGACAGTGTTGACTCACAG
AGCAGCACCACGGACGTGTCAACACCCACGTGCACAACCCGCTCCTGTGTTCAAGTACAA
GTAACAACAAAAGAAGGAAAGTGTGTAGTGGTAACACTACGCCTATAATACACTTAAAAG
GTGACAAAACAGTTTGAAATGTTTAAAGATATAGGCTACGCAAATATGCAGACCATTACT
CAGAAATATCCTCCACCTGGCATTGGACAGGTTGTAATAAAAACACTGGTATATTAAGTG
TAACATATAATAGTGAGGTACAAAGAAATACCTTTTTTGGATGTAGTTACTATTCCCTAACA
GTGTACAAATCTCGTGGGTACATGACTATATGAATCTGTATATTGTATACAGTATGTA
ACATTACTATGCTATCTTTAGTGTTTTTTATTGTGCTTTTTCTGTGTGCCTTTATGTGTGCT
GCAATGTCCTCCGCTTTGTGTGAGTCTGTCTATGTGTGTGCTTTTTGCTTGGTTGTTGGTGTTC
TTTTTATAGTTGTTATTACATCCCCATTAACAGCATTTGCTGTATACATTTGTTGCTATT
TACTACCTATGTTTGTATTACATATGCATGCTTTACACACCATAACAATAATTACTATAAT
GTACAGTACAGTGTAACATACCTGTGATGTGCATGTTGTTGTATTTTTGTATTTTTGTAT
TTTTGTATTTTTGTATTTTTATATGTTTAAATAAACCATGGTATCCCACCGTGCAGCACGTC
GCAAGCGGGCCTCTGCAACTGACTTATATAGAACATGTAAGCAATCCGGTACGTGCCCCC
CTGATGTTATTAACAAAGTGGAAGGCACAACCTTAGCTGATAAAATTTTACAGTGGTCTA
GCCTTGGGATATTTTTGGGTGGCCTTGGCATTTGGTACCGGCAGTGGTTCTGGAGGCCGTA
CGGGCTATGTACCCTTAGGGGGCAGGTCTAATACTGTTGTGGATGTTGGCCCCACTAGGC
CACCTGTGGTTATTGAACCTGTAGGGCCTACTGATCCATCTATTGTTACGTTGGTAGAGG
ATTCCAGTGTTGTTGCCTCTGGTGCTCCGGTTCCACATTTACCGGAACCTCTGGGTTTG
AAATTACGTCTTCTGGTACTACCACACCAGCTGTGTTGGACATCACACCTACCGTGGACT
CTGTTTCTATTTCTGTCAACTAGTTTTACAAATCCTGCATTTTCTGATCCCTCTATTATTG
AGGTGCCCCAAACAGGGGAGGTATCAGGTAATATATTTGTTGGTACACCAACATCGGGCA
GCCATGGATATGAGGAAATACCTTTACAAACATTTGCATCTTCTGGGTCAGGTACGGAAC
CCATTAGTAGTACCCCCCTCCCTACTGTGCGCGGGTACGGGGTCCCCGCCTGTATAGTA
GGGCTAATCAACAGGTCCGTGTGTCCACCTCACAGTTTTTTAACACATCCCTCATCGTTGG
TTACATTTGATAATCCAGCTTATGAGCCCCGGACACCACACTATCCTTTGAGCCTACCA
GTAATGTTCCCTGATTCCGATTTTATGGATATTATTCGTTTGCATAGGCCAGCATTATCCT
CTAGACGTGGCACTGTTAGATTTAGTAGATTGGGTCAAAGGGCAACCATGTTTACACGTA
GTGGTAAACAAATAGGGGGTAGGGTACATTTTTACCATGATATAAGCCCCATTGCTGCTA
CAGAGGAAATGAAATTGCAGCCTTTAATTAGTGCTACAAATGATAGTGACCTGTTTGATG
TATATGCAGACTTCCCACCTCCTGCGTCCACTACACCTAGCACTATACACAAATCATTTA
CATATCCAAAGTATTCCTTGACCATGCCTTCTACTGCTGCATCCTCTTACAGTAATGTTA
CAGTACCATTAACATCTGCATGGGATGTACCTATATATACTGGCCCGGACATTATATTGC
CATCCCATACTCCTATGTGGCCTAGTACATCTCCTACCAATGCTTCCACCACCACCTATA
TAGGTATTCATGGCACACAATATTATTTATGGCCATGGTATTATTATTTTCCTAAAAAC
GTAAACGTATTCCTATTTTGTGTCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAGTACGGTA
TATCTTCCACCACCTTCTGTGGCCAGAGTTGTGCAGCACTGATGATTATGTGTCTCGCACA
AGCATATTTTATCATGCAGGAGTTCCTGATTTATTAAGTGTAGGCAATCCATATTTTAGG
GTTGTATTTTATGGTGCAGGTAATAAACAGGCTGTTTCCTAAGGTATCCGCATATCAGTAT
AGGGTGTTTATAGTAGCTTTACCCGATCCTAATAAATTTGGATTACCTGATTCTACTATA
TATAATCCTGAAACACAACGTTTGGTTTGGGCATGTGTAGGTATGGAAATTTGGTCGTGGG
CAGCCTTTAGGTATTGGCCTAAGTGGCCATCCATTTTATAATAAATTTGGATGATACAGAA
AGTGCTCATGCAGCTACAGCTGTTATTACGCAGGATGTTAGGGATAATGTGTGCTGATTGAT

TATAAGCAAACACAGCTGTGTATTTTAGGTTGTGTACCTGCTATTGGTGAGCACTGGGGC
AAGGGCACACTTTGTAAACCTGCACAATTGCAACCTGGTGACTGTCTCCTTTGGAACCT
AAAAACACCATTATTGAGGATGGTGATATGGTGGATACAGGTTATGGGGCAATGGATTTT
AGTACATTGCAGGATACAAAGTGCGAGGTTCCATTAGACATTTGTCAATCCATCTGTAAA
TATCCAGATTATTTGCAAATGTCTGCTGATCCCTATGGGGATTCTATGTTTTTTTGCCTA
CGCCGTGAACAACCTGTTTGAAGACATTTTGGGAATAGGGCAGGTGTTATGGGTGACACA
GTACCTACGGACCTATATATTAAAGGCACTAGCGCTAATATGCGTGAAACCCCTGGCAGT
TGTGTGTATTCCCCTTCTCCCAGTGGCTCTATTATTACTTCTGATTCTCAATTATTTAAT
AAGCCATATTGGTTACATAAGGCCCAGGGCCATAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAG
TTGTTTGTACTGTAGTGGACACTACCCGAGTACTAATTTAACATTATGTGCCTCTACA
CAAAATCCTGTGCCAAGTACATATGACCCTACTAAGTTTAAGCAGTATAGTAGACATGTG
GAGGAATATGATTTACAGTTTATTTTTTTCAGTTGTGCACTATTACTTTAACTGCAGAGGT
ATGTCATATATCCATAGTATGAATAGTAGTATATTAGAAAATTGGAATTTTGGTGTCCCT
CCACCACCTACTACAAGTTTGGTGGATACATATCGTTTTGTGCAATCAGTTGCTGTTACC
TGTCAAAAGGATACTACACCTCCAGAAAAGCAGGATCCATATGATAAATTAAAGTTTGG
ACTGTTGACCTAAAGGAAAAATTTTCTCCGATTTGGATCAATATCCCCTTGGTCGAAAG
TTTTTAGTTCAGGCTGGGTACGTGCTAGGCCCTACCATAGGACCTCGTAAGCGTCCTGCT
GCTTCCACGTCTACTGCATCTACTGCATCTAGGCCCTGCCAAACGTGTACGTATACGTAGT
AAGAATAATATGTTAGCATATATATGTATGTTTGTATGTATGGTTTTGTATGTTGTATG
TATGTATGATTTTGTGTGATATATTACTGTATTTTGTGTTGTTTGCCTGCGTGTATGTATG
AATGTGCTTTGTGGCATGTATGGTGTTACTGTACATAATTGTGGTATTAAATAAAGTATG
CTAATAGTGTGTGTAGGGTTGCACCCCTTGTGAGTAACAATACTATTTGTGTGTATGTGT
ATTGCTTTGTACCCTATATTCTTTCTGTATTTCAAGTTATAAACTTGCATACTACACAG
CATCCATTTTACTTTATAATCCTCCATTTTGGCTGTGCAACCGATTTTCGGTTGCCTGTGGCT
TATATGTGACCTTTTAAACATAATACCTAAACTGGCACATTTACAACCCCTACATAGTTT
AACCTACTGGCGCGCTTCTTGGCGTACATGTGGCACACCTGGTATTAGTCATTTTCCTG
TCCAGGTGTACTAAAACAATGGCTTGCACAACCTGTATCCACACCCTATGTAATAAACTG
CTTTTAGGCACATATTTTAGTCTGTTTTTACCTGTGCTAATTGTATAATTGGCGTGTAGA
ACCACTTTCTTATCCAACAATCTGTCTACTTGTACATAAACTATAAACTGACTCACTTA
TACATACATAGTTTATGCAACCGAAAAAGGTTGGGCCCTATAACACATACCTTTTCTT
>gi|397014|emb|X74478.1|_HumanPapillomavirus_type_40_genomic_DNA
TTAATAACAATTGTACTGTTAGTAAAGGGTGAACCGAAAACGGTCCGACCGAAAGCGGT
ACATATAAATTCGAACCCAAAAACCTGCTTTGGGGCCAGTATGTCTGCACGGTGCAGGCT
CCCAGGCCAGGACCTGTATGAAGTGTGTGACCAAGTGAATATTACATTGCCTACGTTGC
AAATTGATTGTGTGTTTTGCAAGACGGTCCATAAAACAGCTGAGGTAAGTGCCTTTGCCT
TTAGAGAGTTATATGTTGTGTGGCGCGACGACTTTCCACACGCCGATGTCCACGGTGCC
TGGACCTGCACGGAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGATACGCAGCCTATGCACCAA
CCGTGGAAGAAGAGACAGGATTAACCATTTTACAAGTAAGGATTAGATGCTGCAAGTGCC
ACAAGCCTTTGTCTCCCGTGGAAAAAACCAACCATATTGTAAAGAAGACGCAATTCTTTA
AATTAAAAAGATTTCGTGGACAGGGTACTGTCTACATTGCTGGAAGAAATGCATGGAGAAAG
GCCAACGCTCGGAGACATTGTGTTAAACCTGCACCCCTGAACCTGTATGTCTAAACTGCAA
CGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAAGATGACCATGAACAGGACCAACTAGACAGCTT
ACACAGTAGAGAGCGTGAGCAACCCACGCAACAGGACCTGCAAGTAAATTTGCAATCATT
TAAAGTAGTAACCTCGGTGTGTATTTTGTGAGTGTGTTGGTGCGCTTAGCAGTGCATTGTTT
CATCACTGATATAACACAGTTCCAGCAGTTGCTGATGGGCACATTACATATAGTGTGCC
CAACTGTGCAGCTACAGAGTGACAACAATGGCAGACTCTCCAGGTACAGAGGACGGGGG
GCTGGGTGCTCAGGATGGTTTGTAGTAGAAGCTGTAGTGGATAAACAACGGGGGATGCT
GTATCGGAAGATGAGGATGAGGAGGACATAGAGGATAGTGGATTTGATATGATAGATTTT
ATTGATAATAGTGTGTTGTGGCAGAGGAACATGTAGAATAAGTAATGCACAGGCACTTTTA
CATGTACAGCAGACATGTGCAGATGCTGCTGACCTGTGCGAGTTAAACGAAAGTACATT
AGCCCATATGTAAGTCCTATACAATACTCAGAACCGTCTATAGACGGGGACCTAAGTCCA
AGGCTGCATGCAATACGGCTTGGCGGCGGCCAAAAGGCTAAACGGCGGTTGTTCCAGCGT
GTGGAGCAAAGGGACAGTGGCTATGGCTATTCTGAAGTGGAACAACAGAGAGACAGGTA
GAGACAGAACATGGCGGACCGGAAGATACCGTGGGGGGTAGTGGGAGGGTGACCACAGAT
GAGGCGGAAGCAGTAGAGGTTGTGGAAGACGGCAGTCATGTTATAGACCACTGTAGTCCG

CGCACACA ACTAATAGAGCTGTTTAAATGCAAGGACCTAAATGCTAAGCTGTATGGTAAG
TTTAAAGAGCTTTATGGAGTGGGGTTTGGAGACCTGGTAAGACAGTTTAAAAGTGATAAA
TCCACGTGTACCGATTGGGTGTATGCTGTGTTCTGGGGTTAATCCCACCATAGCCGAGGGC
TTTCATACACTGCTGAAAAGGCAGGCATTATATTTACATACCCAATGGACGTCATGCAAA
TGGGGTATGGTGTGCTTGCATTGTGTAGATATAAGGTGGGTAAAAATAGGGAAACAGTT
GTTAGACAGCTATCCAAAATGTTAAATGTACCTGACAACCAGATACTGGTACAACCGCCT
AAATTACAAAGTCCGCCTGCAGCATTATTTTGGTTTAGAGCAGGAATGGGTAATGGGAGC
GAGGTGTCCGGCACAACACCGGAATGGATAGCTAAACAACTATGTTAGAACACAGCTTT
GCTGACACACAGTTTTAGCCTAACAGACATGGTGCAGTGGGCATATGATAACGGGCATACA
GATGAGTGTGAAATAGCATACTATTATGCACAAAGAGCAGACGTGGATGCAAATGCAGCA
GCATTCTTAAAAAGTAACAATCAGGCCAAAACGTTAGGGATTGTGCATCCATGTGCAAA
CACTATAGGTTAGCAGAAATGAGGCGCATGTCAATGGCTGAGTGGATAAAGCATAGAGGG
GAGAAGTGTGATGAAGGCGACTGGAAACCTATAGTTAAATTATTACGCTATCAACATATA
GATATAATAGTTTTTTTTAGCTGCATTAAAAAAATGGCTACAGGGTATACCTAAAAAAAT
TGCATTTGTATTGTGGGTCTCCAGACACAGGAAAGTCATGTTTTTGAATGAGCCTGATG
CACTTTATGCAAGGTACAATAATATCATATGTTAATTCCTGTAGCCATTTTTGGTTGCAA
TCATTGGCAGATGCAAAGGTAGCTATGCTAGATGATGTTACAGCGGCATGCTGGGGGTAT
ATGGATACACACATGAGGAACCTATTAGATGGTAACCCAACCAGCATAGATAGAAAACAT
AAACCGTTAGCAGTAATTAAGTGCCCTCCGTTACTGTTAACGTCCTCAATATAAATATAACA
CAGGACAGTAAGTACCAATATTTACAAAGTAGGGTTCAAGTGTTTGAATTTCCAAATCCA
TTTTTCCATTTGACAGCAACGGCAATGCTGTGTATGAATTAATGATGCAAATTGGAACCTCC
TTTTTTTAAAAGGTTGGCATCCAGTTTAGAGCTGCAAACACCTGGGGACGAGGATGGAGAA
TCTAGCCAGGCGCCTAGATTTGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTATGAACAAAACAG
CAAAGAGCTACAGCAACATATATTGCACTGGAAATATATACGTTATGAAAGTGCAATATA
TTATACAGCAAGACAAATGGGCATTAAACATTTTAGGCCACCAGGTGGTGCCAAGTTTAGA
TGTTTTCAAAGGCTAAAGCCCATGCAGCAATTGAAATGCAAATGTGTTTAGAATCTTTGCA
AAACACTGAATATAATGTAGAGCCATGGACGCTGCAGGACACAAGTCAAGAATTATGGCT
TGCAGAACCTAAGAAATGTTTTTAAAAAAGGTGGCAAACAGTGGAAGTTAGATTTGACTG
CAATGAAACAAATGCAATGCATTATACACTGTGGACCACAGTATATGTACAGGTGGATGA
TGCATGGACAAAGGTAAAAGGCCAGGTGGACTACAAAGGCCTCTCATATACAGTGCACGG
GTGCACAACATATTATGTAGACTTTGCAAAGGAAGCACAAACGTATGGGAAAACAAATAG
GTGGACTGTTATTGTGGGTTACACGTTATATGTTCTCCTAGTACTATCGAGGAACACGG
ACTACCCATTGTTGAGACTGCTGACGCCAGACCCCCGACCCTGCCACCGACACCCCCGA
CGCCCCCGCCACAGCGACCACCGAAACGGTCGGCCCCGCCAGGCACCGCCAGAAAGCG
ACGAAGAAACGGACACCTGCCCATCACCACTACTGTGGGCAAATCACTCGGAGGAGAGTA
CGTGGACACTGCAGACAGAACACGCACGCCCTGACCCTGAAAGCAACAACGGGCACAGGAA
CTGTGGTGGAGGTTCTTCTACACCTATAATACAATTAGAAGGTGAAGCCAATTGCTTAAA
GTGTTTTTAGATATAGACTAGGAAAAGTGTACATTTATTTTTGTAATTCCTCAACTACATG
GAGGTGGACCACTGAATCCAGAACCGAGAAAAATGCTATAATAACGTTAACATATAGTAG
TGTACAGCAACGGTCTGACTTCTTAGCTATTGTAAAAATACCAAAAACAATAAACATAG
CTTGGGTATGTTAACTGATGTAATATATGTATATATGTATATATATGGAACACCATCT
GTGAAGGGTATTTGCTAGCACGTACCACACAACCAGCCAATCTGCTGCTATTTATTGTTAA
TAGAGTCTACGCTTGGCATACTAGTAGTCTATATTGTTTTTTTTACTTATGCACTGTTGA
TCTGTGTGTGTGTCCCTAATCTGTATGTGTGGAGCTCTATACTGTCTGCTATCTCCATTT
TGTGCTTTGTAACATGGGGTGCCTAACATCTATTACTAACCTGTTTATCCTAATACTCT
TAGTGTGGTATTTGCCCTGCGGTGGTCCTTACACATTTATTATATATCACATACAGAACC
AATTGTAACATGTTGACCTGTCAATTGGATGATGGTGATACCTGGATGGCATTATGGATG
TTACTTGCGTTTATAACTGTGTTGTTACTGTTATTGGTGTTTTTCATTGTAGAACCTTATAT
TTATATAGGTATACCAAGTAATACTTTGTGTAGTAAATAAACATTTTTTTTATATTACAGC
GTCTTTGTAATGGTGTCCAGCAGGCCCCGTAGGCGCAAGCGGGCGTCAGCTACTCAGTTAT
ATCAAACATGCAAGGCGGCGGGCACCTGTCCACCTGATGTTGTTTCATAAGGTGGAGCAAA
CAACCGTTGCAGATCAAATTTTTAAATGGGGGAGCATGGGAGTATTTTTTTGGCGGGCTTG
GCATAGGTTCCGGCTCTGGCACAGGGGGCAGGGCTGGCTATGTGCCTTTGTCTACAGGTT
CCCGGGCTGTCCCTCTAAATCTTTGGTACCTGACGTTGTTGCTAGGCCACCTGTGGTTG
TGGATACTGTTGCACCCTCCGATCCGTCCATTGTATCTTTAATTGAGGAAAAGTAGTATTA

TTCAGTCAGGTGCCCCGTCCCTTACTATTCCAACAGAGGGTGGGTTTTTCAGTAACGTCCT
CCGGTACAGATGTGCCTGCCATTTTAGATGTGTCGTCCACAAATACCGTGCATGTGACAG
CCACCACACATCACAATCCTGTCTTTACTGATCCCTCGGTTGTGCAGCCCATCCCACCTG
TGGAGGCCGGTGGTCGCCTCATAGTGTGCATTCCACTATTACTACTAGTGCTGCTGAGG
AAATACCTTTGGACACGTTTGTGTGCCATAGTGATCCATTGTCCAGTACACCCGTTCCCTG
GTACGTCTGGACGGCCAGGTTGGGACTGTACAGTAAGGCCTTGCAGCAGGTGGAAATTG
TGGACCCTGCCTTTCTGTCTACCCCTCAGCGTTTAATTACATATGACAATCCAGTGTTTG
AGAACGTGGATGATACATTGCAGTTTGAGCAGCCATCCATACATGACGCTCCGGACCCTG
CGTTTATGGACATCATTACCTTGCACAGGCCTGCATTAACGTCTCGGCGGGGTGTCATAC
GCTTTAGCAGGGTGGGTCAACGGGGCACCATGTACACACGGCGAGGGACCCGCATTGGGG
GTCGTGTACACTTTTTTAGGGACATTAGTCCTATTGGTGCAGCTGATGATATTGAATTGC
ACCCTCTAGTGGCCTCGGCACCACATACACTGGAGACACCACATACACTAGAGACACCAC
TGGACACTACTGATGCCCTGTTTGATGTGTATGCAGACATGGATACTATAGATGATGATG
CAGCATATGCTACATTCTCATTACATCCTGCCGATTCTACTCGTATATCTAACACATCCA
TACCTCTTGCCACGGTTTCTGACACATTATTAACATCTGGTCCTGACATAGTGTTTCCTT
CTATTCTGCAGGTACACCATATTTGCCTGTGTACCTTCTATACCTGCCATATCTGTAC
TAATTCACGGTACAGATTATTATTTGCATCCTGCATACTATTTAAGAAAACGCCGAAAGC
GCATATTAGCACATCAGTATGTGGCAACTTAATGAAAATCAAGTATATTTACCACCGCCA
ACGCCTGTTGTACTACATTGTTAGCACAGATGAGTATGTGCAACGCACCAAGTTTATATTAT
CATGCTGGTAGTGCCAGGTTACTGACTATAGACATCCATACTTTGAGTTAAAAAAACCC
AATGGTGACATTTTCAGTGCCTAAGGTTTCTGGACATCAATACAGGGTATTTAGGGTACGT
TTGCCTGACCCGAATAAGTTTGGTTTATCTGACACCTCCTTGTTTAATTCTGAAACGCAG
CGCCTTGTGTGGGCATGTGTGGGTGTGGAGGTGGGCCGTGGCCAGCCCCTAGGGGTGGT
GTTAGTGGCCATCCATACTTTAATAAGGATGAGGATGTGGAAAACCTCATCTGCCTATGGC
ACAGGTCCGGGGCAGGATAGTAGGGAAAATGTAGCTATGGATTATAAACAGACACAGTTA
TGTATGTTGGGCTGCACACCCCCAATTGGGGAATATTGGGGTAAGGGCACTCCGTGCAAT
GCTTCTCGGGTAACCTTGGGGACTGTCTGTATTAGAATTAAAAACTGAGGTTATTTCAG
GATGGCGACATGGTGGATACTGGCTTTGGTGTCTATGGATTTTGCTTCCTGCAGGCCAAT
AAAAGTGATGTGCCATTGGATTTATGCACATCTATTAGTAAATATCCAGATTATTTGGGA
ATGGCTGCAGAACCGTATGGAAATAGTTTATTTTTTTTTTCTACGCAGGGAACAAATGTTT
GTTAGGCACTTTTTTAATAGGGCAGGTACTACTGGTGATAGTGTCCCAACTGACTTATAT
ATAACAGGTACATCTGGTCGGACTCCTATTGCAGGCAGTATTTATTACTCCACACCAAGT
GGATCCTTGGTTACCTCTGATTCTCAGATATTTAACAAGCCATTGTGGATACAAAAGGCC
CAGGGCCATAACAATGGCATATGTTTTGGCAATCAGTTATTTGTTACAGTTGTAGACACC
ACTCGTAGCACTAATTTAACCTTATGTGCTGCCACACAGTCCCCACACCAACCCCATAT
AATAACAGTAATTTCAAGGAATATTTGCGTCATGGGGAGGAGTTTGATTTGCAGTTTATT
TTTCAGTTATGTGTAATTACCTTAAATGCAGAGGTTATGACATATATTCATGCAATGGAT
CCTACGTTGTTGGAGGATTGGAACTTTAAAAATTGCTCCTCCAGCCTCTGCATCCTTAGAG
GATACATATAGGTTCCCTTACCAACAAGGCTATTGCCTGTGACGCGATGCGCCCCCAAG
GTACGGGAGGATCCATATAAAAAATATAAAATTTGGGATGTCAATTTAACAGAAAGATTT
TCTTCCCAATTAGATCAATTTCCATTAGGACGTAAGTTCCTTATGCAGGCTGGTGTACGT
GCAGGGCCTAGGTTTAAATCCAGGAAGCGCCCTGCCCTTCCTCGTCTTCTCTTCTAAG
CCAGTCACCCCCAAACGTAAAAAAACAAAGCGATGAGTATGGCTGCATATGTGTATTCTG
GGGAATACACCCTTGCACCTCCCGTATGTGTTGGTACTTTGGAATGTATGTATGTATTGTT
TGTGTATGTTTTGTGTTTGTGTGTATGTGTCCGTATGGTACTGTGTATGTATTGTTTGT
ATGCTGTATACCTACGTTGTGGTTGTGTGTTTAATAAAGCTATATGTGTGGTGTGGTGTG
GTATGGCAGTGTGATGGCGTCTTGTTCAGTGTGACCATGTACTTTTTGTGTCTAAATCC
TCCATTTTGTACTGCGCGACCGCTTTCGGTCGCGGTTGGCACACACATACATTTGTGCAG
AAATTTTTATTGCATGTTACATATTGTTAGGTCAACATGCCCTGCCAAAAATGTAGTATT
AGGGTGAGGTTTGGCACACCTTTGATTGCATTTTCCCTGTACTGTACTCATCTTATTGT
ATGCACTTCCAAACATGCTTTTAGGCACATAGTTTTGCCTAATAAAAAAGTTAGCTAATAG
CAGTTTTTGGCAAAACATAACACTTGTGGTTAACATAGTACATATTACTCATGGTGCACAC
CTGCGGACCGCTTTCGGTTGCTACATGTTTTATTACTTTCTACTTATTA

>gi|397005|emb|X74462.1|_Human_papillomavirus_type_3_genomic_DNA
TCTAACTATAATTATAAATAACAATGCACATAATAAAAAGTAGGGAGTAACCGAAAACGG

TACGACCGAATGGGGTACATATAAAAGGAGGCACATAATGCATGGCAGTAGCCATGTCTA
TGGATGCAAAC TGCCCAAAAAACATATTTCTACTGTGCAGAAACACCGGAATAGGATTTG
ACGACCTTCGCCTGCACTGCATATTCTGTACGAAACAGCTGACTACAAC TGAAC TACAAG
CATTTGCATTACGGGAAC TGAATGTGGTGTGGAGAAGGGGAGCGCCCTACGGTGCCTGTG
CACGGTGTTTACTTGTAGAGGGCATTGCACGACGCCTAAAATATTGGGAATATTCATATT
ATGTATCTGGCGTGGAAGAAGAGACAAAACAATCAATAGATACACAGCAAATTAGATGCT
ACATGTGTCACAAACCACTGGTAAAGGAAGAGAAGGACAGACACCGCAACGAAAAGCGAA
GACTGCACAAAATATCTGGTCATTGGAGGGGGAGCTGT CAGTACTGCTGGTCACGATGCA
CGGTCCGCATCCCACGATAAAAGATATAGAATTGAGTCTTGACACCAGAGGACGTCCCTGC
ACTATGCAATGTGCAATTAGATGAAGATGAGTATATAAATGCTGTGGAACCAGCGCAACA
AGCGTATTGTGTAGTCACAGTGTGTCCGAAGTGTAGTTCACAACCTTCGACTGGTGGTAGA
GTGCAGCCACGCAGATATAAGGGCCTTCGAGCAGCTTCTGCTGGGCACACTGACGGTTGT
GTGTCCCCGCTGCGTGTAAACAGGACATGGATGATACTTCAGGTACAGAGGGGGAATGTTT
CGAGTTGGAACGGGCTGGAGGATGGTTTATGGTAGAGGCAATAGTAGACAGGCGGACGGG
CGATACAGTGTCAAGCGATGAGGATGAGGAGGAGGACGGAGGGGAAGATTTAGTGGATTT
CATAGATGATAGGCCTGTAGGGGACGGACAGGAAGTGGCACAGGAAC TGTGCTGCAGCA
AGCAGCTGCGGATGACGATGTAGAAGTGCAGACAGTAAAACGAAAGTTTGCTCCCAGTCC
GTATTTTAGCCCTGTGTGTGTACATCCCAGCATAGAAAATGAGCTAAGTCCGAGGCTAGA
TGCAATAAAGCTGGGGAGACAAACATCAAAAGCCAAACGCCGGCTATTTGAGCTACCGGA
CAGTGGGTATGGCCAAACACAGGTGGATACGGAATCGGGACCAAACAGGTACAGGACAT
TTGTAAGACAAGCCAACAAGATGGCTGCCAGGGTGCAGGATGAGGGGAGAGGTAGGAATGT
GGGGGGAATGGCAGCCAGGAGGAGGAGCGTGCAGGAGGGGATGGGGAGGAATCGCAGAC
TGAGAGTGTACAGACAGATACGACAGCCTGTGGAGTGTGGCAATATTTAAAAGCTAGCAA
TCACAAAAGCAACGCTACTGGGTAAGTTTAAAGAACAATTTGGGTTAGGATTTAATGAACT
GATTAGACACTTTAAAAGTAACAAAACAGTATGTAGCGATTGGGTGGTATGTGTGTTTGG
TGTATACTGTACATTGGCAGAAAGCTTTAAGACGCTAATACAACCACAGTGCGAATATGC
ACATATACAGGTACTATCCTGTCAATGGGGCATGACAGTGTAAACGTTGGTACGGTTCAA
ACGGGCCAAAAACAGAGAGACGGTGGCTAAAGGTTTCAGCACTTTGCTAAATGTGCCAGA
AAACCACATGTTAATAGAGCCACCAAAATTAAGAAGCGCTCCAGCAGCGCTGTACTGGTT
CAAAACAAGCCTATCAAATTGTAGCGAGGTGTTTGGGGAAACACCAGAGTGGATAGTTAG
GCAGACAGTGGTGGGACATGCATTAGAGGAAGCGCAGTTCAGTCTGTCAGAAATGGTGCA
GTACGCATATGACCACGACATAACAGATGAAAGCACGTTGGCATATGAATATGCACTACA
AGCAGATACAGATGCAAATGCAGCAGCGTTCCTAGCTAGCAATTGTCAGGCAAAATATGT
AAAGGACGCATGCACAATGTGCAGACATTACAAAAGAGGTGAACAGGCCCGAATGAACAT
GTCAGAATGGATAAAGTTTAGAGGAGATAAAAATACAGGGGGATGGCGATTGGAAACCAAT
AGTACAGTATTTAAGGTACCAGGACGTAGAATTTATACCATTTCTATGCGCTCTGAAATC
ATTCTTACAAGGAATACCAAAAAAAGTTGTATAGTGTGTTTATGGACCAGCAGATACTGG
GAAGTCATACTTTTGCATGAGCCTGTTGAAATTTCTGGGCGGGGTAGTTATATCTTATGC
CAATTCCAGCAGCCATTTTTGGTTGCAACCATTAGCAGAAGCCAAGATAGGTTTGCTGGA
CGATGCAACTAGTCAGTGTGGTGTATATAGACACGTATTTAAGAAATGCTTTTAGATGG
AAACCAGGTGTGCATAGATAGAAAGCATAGGGCCTTGCTACAAC TGAATGTCCTCCGTT
ATTGATAACAAC TAATATAAATCCTTTGGGGGATGAAAGATGGAAGTATCTGCGCAGCAG
ACTGCAGGTGTTTACATTTAACAACAAATTTCCATTAAC TACACAAGGAGAGCCACTGTA
TACATTAAATGATCAAACTGGAATCCTTTTTTCAAAGGTTATGGGCACGTTTAAACCT
TACCGATCCTGAAGACGAGGAGGACAATGGAAACACTAGCGAACCGTTTAGATGTGTGCC
AGGACAAAATACTAGAACTGTATGAAAAGGATAGCGACAAACCTTGAGGACCAAATAATGC
ATTGGCAATTGATGCGGTTAGAGCAAGCTTTGTTGTACAAAGCAAGGGAATGTGGATTAA
CACACATTGGCCACCAGGTGGTGCCACCTCTTAGTGTAAACCAAGCAAAGGCACGCAGTG
CCATTGAAGTCATGTATCTTTGCAACAATTACAGCACAGTGCACATGCACAAGACCCCT
GGACATGCGAGACACGTACGGGAAATGTGGGACACAGTTCCCAAGAAGTGTGGA
AAAGAGGTTTAACTGTGGAAGTCAGATATGATGGAGACGAAAACAAAGCAATGTGTTATG
TACAATGGAGGGAAATAATTGTGCAGAACTATACAGATGATAACTGGGTGAAGGTGGCAG
GACTGGTGTCTCATGAGGGTCTATATTACATGCACGAAGGACAGAAAACTTTTTATGTAA
AATTTAAAGATGATGCGCGCGTGTATGGGGACACAGGAACATGGGACGTACATGTGGGAG
GCAAAGTAATTCACCACGATTTCATTTGACCCTGTATCTAGCACACGAGAGATACCCGCTC

CTGGACCTCTGTACGCCTGTACCACCCAAGCGCCACCCAAGCCCAGGTGGGCGCGTCCG
AAGGACCGGAGCAAAAGCGACAGCGACTCGAGACGGTCTACGGGGAGCAGCAGCAGCAAC
AGCAGCAGCAACAGCAACAGCAACAACATACCCAAACCCCGCCCCGCAAACCACTGAAC
GAGCAGCTCAACCATTGGACACTGACAGGACCCGGGACCGTGACACTACGTGTCCACACC
CCATCGGGCATCGAAGTGACCCTGACTGTGTGCCTGTAATACACCTAAGAGGTGATCCTA
ACTGTTTTAAATGTTTTAGATATAGGTTAAACAAAGGTAAAAATAAGTTATATTCAAGGA
CCTCTTCCACATGGAGGTGGTCCTGTGAATCAGAAAATCAGTGTGCGTACGTAACCATTT
GGTATACAAGTTATGGTCAGCGGGAAGCATTTTTGTCCACCGTAAAAAGTGCCACCAGGTA
TTCAAGTGATACTGGGACACATGTCAATGTTTCACATAATTGTGTCCCCGCATTGTACAGT
CTGGATTACTATTTGTGCAGGCTTTCTCTGTGGGTGTATTTGTGTGCTGCTGCTGTGTTG
TTTTGGCTGTGTGTGCTTCCTGCGCTAACGTGCTATCTGGCAATTGTGCTTTGTGTGTAC
TTGGTCCTGATAGCATTGTATTTACAAATTGTATCACGCATTGTACAGAATAACACATAG
GTTTTACTATGTATCCTCTGGTACTCACAGACAACAATGGCGACCATCTTGTCTTGTGTTG
TTGAGCCTGGAGACGTGTACATATTATTGCTGTTTATGTTAGCTGTCATACTTACATTGT
TTATTATGTATAGACATCTGGGACTCCTGTAAGGTTGTAGTTGCAGGTCACCTGTATGTA
TTCTTCCTTGATGTATATGCCCTAGTGTGGTATTGTACCACCGTCTTTTATACTGCTATG
TTTTTTTTTACAGTTCAATAAAGCAACCATGGTGGCACATCGTGCAAGGCGTCGCAAGCG
TGCATCTGCCACACAGCTTTATAGAACCTGCAAGGCCGAGGCACATGTCCCCCTGATGT
TATTTCCAAAGTTGAGGGCACCCTTTGGCCGATCGTATTTTGCATGGGGTAGCTTGGG
TGTTTTATTGGGGGTCTGGGCATTGGTACTGGATCCGGAACGGGGGGCGCACAGGGTA
TGCGCAATTAGGTACACGGCCTGGTACTGTTGTTGATGTTAGTGTTCCTGCAAAACCTCC
TGTGGTAATTGAGCCTGTGGGGCCATCGGACCCCTCCATTGTTAACCTATTGGAAGACTC
CAGTATTATTAATTCGGGGTCCACCATAACCGACCTTTACTGGTACTGATGGATTCTGAAGT
TATTTCTTCAGCCACAACCTACCCCTGCTGTATTAGATATTACACCTGCCAGTGACAATGT
GGTGGTTAGTAGTACCAATTTTAGCAATCCAGCTTTTACAGAACCTTCCCTGTTGGAGGT
TCCTCAGAAATGGTGAGGTTTCAGGGCACATACTTATTAGCACCCCCACATCTGGTACACA
TGGTTATGAAGAAATTCCTATGGAAACCTTTGCTTCGCCAGGTACGGGAACCTGAACCTAT
TAGTAGCACCCCTGTACCTGGTGTAAGTAGAATTGCAGGTCCCCGCTATATAGCAAAGC
TGTCACACAGGTTAAGGTAACAGATCCTGCTTCTTGACCCGTCCTCGCTCGTTAATGAC
ATTTGACAATCCTGTGTTTGAGCCAGAAGATGAGACTATAATATTTGAACGTCCGTACTC
TCCCTCACAGGTGCCTGACTCTGACTTCTTGACATTTTACGTTTGCACAGGCCTGCTTT
AACTTCTCGTAGGGGTACTGTGCGTTACAGTAGGGTAGGCCAAAAATTAAGCATGCGCAC
TCGCAGTGGCAAGGGTCTTGGTGCTCGAGTGCATTATTATCAAGATTTAAGCCCCATAGG
TCCTACGGAGGACATTGAAATGGAACCCCTGATTGCTCCTGCATCTGCCTCAGCCTATGA
CTCTCTGTATGATGTGTATGCAGATGTGGACGATGCTGACATAGGTTTTACATCTGGAGG
TCGTAGTGACACTCTGTCTAGAGGCCGTGCTACAGTGTCCCCCTGTCTCCACTCTGTC
CACAAAGTATGGCAATGTACCATTCCCTTTGTGTCTCCTGTGGATGTGCCTTTACAACC
TGGGCCTGATATTTTACTGCCTGCATCAGCTCAGTGGCCGTTTGTTCCTTGTCTCCTGT
TGACACAACCTCATTATGTCTACATAGATGGCGGGGATTTTTATCTATGGCCTGTCACCTT
CTTTTTTGCCCCGACGTCGTCGCCGTAAACGTGTCTCATATTTTCTTGAGATGGCACTGT
GGCGCTCTAGTGACAACCTGGTGTACCTGCCTCCTACCCCTGTTTCCAAGGTTCCTCAGCA
CGGACGACTATGTGACACGCACCAACATTTATTATTATGCAGGCAGTTCTCGCTTGCTGA
CCGTGGGTATCCTTATTTTGCTATCCCCAAATCTTCTAATTCCAAGATGGATATTCCTA
AGGTGTCCGCCTTTCAATATAGAGTGTTTAGGGTGCGGTTGCCCCGACCCAAATAAGTTTG
GCCTACCAGATGCACGCATATATAACCCAGACGCCGAAAGGCTGGTCTGGGCTTGCACTG
GGGTTGAGGTAGGCCGCGGGCTGCCTTTGGGTGTAGGCCTCAGTGGACATCCTCTTTATA
ACAAGCTAGATGACACTGAAAACCTCTAACATAGCACATGGGGACATAGGTAAAGATTCCC
GGGACGACATATCTGTTGACAATAAGCAAACGCAGCTATGTATTGTGGGTGTACCCAC
CTATGGGGGAGCATTTGGGGCAAAGGAACACCATGTAAGCAGAATGCGTCACCGGTGATT
GTCCTCCTCTAGAGCTTATTACTGCACCTATACAAGATGGCGATATGGTGGACACAGGTT
ATGGTGCCATGGACTTTGGTAACCTGCAGTCCAATAAGTCAGACGTGCCATTAGATATTT
GCCAGACCACCTGCAAATATCCTGATTATTTGGGTATGGCCGCTGAGCCCTATGGCGACA
GCATGTTTTTTTTATTTGCGAAAGGAGCAGTTGTTTGCAAGACATTTTCTTAACAGAGCTG
GTATGGCTGGAGACACCGTGCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTCAGAGCGGCG
GTCGGGATAAAATTGGTAGTGCTGTGTACTGTCCTACCCCTAGTGGGTCCATGGTAACAT

CTGAAACGCAGCTATTCAATAAGCCATATTGGCTGCGGCGTGCTCAGGGACACAATAATG
GTATATGTTGGGCCAACCAATTGTTTGTGACTGTGGTGGATACCACACGTAGTACTAATA
TGACATTGTGTGTTTCTACTGAAACCTCGGCTACATATGATGCTACTAAATTTAAAGAGT
ATTTAAGACACGGGGAGGAATATGATTTACAGTTTATATTCCAGTTGTGCAAAGTTACAT
TAACTCCTGAAATTATGGCCTATTTACACACAATGAACAGTACTTTGTTGGAGGATTGGA
ACTTTGGGTTAACCTTGCCACCGTCCACTAGCTTGGAGGACACCTATAGATTTTTAACTT
CCTCTGCCATTACCTGCCAGAAAGATGCACCTCCCCTGAGAAGCAAGACCCCTACGCCA
AACTAAACTTTTGGGATGTAGATCTTAAGGATCGTTTTTCCCTGGATCTTTCGCAGTTCC
CCCTTGGCAGGAAATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAGGTACCCGCTCTAGTATATCTGTTT
GTAAACGCTCGGCGACAACCACATCTAGAACAGCTGCTGCAAAAAGGAAGCGCACCACAAA
AATAGCCACATTTGTGTTTTGTATGTGTAACCTGTGTGTATGTTTTTATGTATGTACTG
TGTGTGTAATGTGTACTGTCTGTGCTATGTGTTTGTACGTTATTATGTTGTGTGTATGTG
TCAATAAACTGTGTACATAGTTTTATATTTTTTAATTTTTTGTAACTACTGTTCCCTGTGA
GTAAGAAAGGTAATCTGGGTCATGCGACCGATTTCGGTTCTCAAAATGGCCGCCTTTGC
AGGTGTGCACACAAACAATTAGTCATACTGATCTATATCCTGCGACCTGCCTTGTACACGC
ATAGTTTTGGCTGTGATATTATCTTTTCTATAGTTTATTTTTATTGCTGCATCATTCTCCC
TGGCACGTCTATCTGTCTCCATTGCAAAATTAACAGCTTCTGGGCACCTAACTTATTATGAC
TACTTTCACATAATTACTGTCTTGGCTGCGTTTTCTAGTCTGCCTTGCCAATATGTGCTT
CCAAATCTCCACCAAGACACACCTAATCCGGTCGCTGCTTGTCTTCTAGCCATAATTTAT
GCAGTTGCTACACGTTCCCTT

>gi|396973|emb|X74474.1|_HumanPapillomavirus_type_30_genomic_DNA

TGAAAGTTACAAGCATAGTTTATAGAAAGGAGTGACCGAAATAGGTTTTCAACCGAAAA
CGGTACATATAAAAGCACTGTACCAAAACGGACAGTGTACCCATGGCTTTCAAATTTGAAA
ATACAGGCGAGCGCCACGTACTGTGCACCATCTTGTGAGGTACAAGAAACATCGTTGC
TGGAGCTACAGCTACAGTGTGTATATTGCAAGAAGGAATTATCCAGCTCAGAGGTATATA
ATTTTGCATGTAAAGATTTAAGACTGGTATATAGGGAGGACAGCCCATATGCAGTGTGCA
ATTTCTGTTTATTATTTTATAGTAAAGTAAGAAAGATTAGACATTACAACCTATTCATTGT
ATGGGGCAAGCCTAGTGGCATTAACATAAAAAAGAGTTATTTGATTTATTAATAAGGTGCT
ACAGATGTCAACAGCCGTTGACACCAGAGGAAAAACAGTTACACTGTGAATATAAGAAAC
GGTTTCACAGAATATCACGTACGTGGACCGGGTTATGTCTGCAATGCTGGAGACACACAA
CGTCCACTGAGACAGCAGTATAATCATGCACGGTAAAGTAACAACCTATTCAGAATATAT
TTTGGACCTTGTACCGCAAACCTGAAATTGACCTGCATTGCTATGAGCAATTGAACAGCTC
AGAGGAAGAGGATGAGGATGAAGTAGACAATTTACAGAAGCAGCCACAGCAAGCTAGACA
AGAAGAACAACATCCTTGTACCTAATTAACACACAGTGTGTAGGTGTGCGTCTGCGGT
GCAGTTGGCTGTTTACAGAGTCCACAAAGGAGCTGCGTGCCCTACAACAGATGCTTATGGG
CGCACTGGAGCTAGTGTGTCCCCTGTGTGCAACAAGGCGGTAAACGGCAATGGCGTCACC
TGAAGGTACAGATGATGAGGGAGGGGGGTGCACGGGATGGTTTTCATGTTGAGGCTGTAGT
CAAGAAACGTACGGGAGATATAATATCAGAGGACGAAACAGAAGAAGATGAGGGCACAGC
ATCAGATTTAGATGGGTTTCTAGACAATAGTAATGTAATAACAACACAGGCAGACAGGGA
GACAGCTCAGCAGTTATTGCATGCCCAAAACACATATGCAGATACACAGACGCTGCACAA
TTTAAACGAAAGTATTTAGGCAGTCCGTTGGGAGACATTAGTAATCAGCAATTTGTGTG
CCGGGAAGGAGTAAACGAAGGATAATTGATACAGACGTGGCCGACAGCGGGTATGGCAA
TACTTTGGAAGTGGAAGCAACGCAACAGGTACAGGATAATACGTATGGTAGTGGTAAACA
GCAAGATGGAGGCTCACAGACTAGTGTGTGTAGCAGGGAAAACAGCATAGAAGCAGACAG
TGATATGGATATAGGCGCCACGCCACCACAGCAAATACAAGAATTATTAAAATCTAGTAA
TGTACAGGCAAAGCTGTGTTATAAATTTAAAGAGTTATTTGGAATTCCATTTTCAGAATT
GGTACGTACATTTAAAAGTGACAGCACATGTTGTTCATGACTGGATATGTGCCATGTTTGG
TGTTAATGAAACCTTAGCAGAGGCATTAAAAACAATTATTAATACACAGTGCATGTATTA
CCATATACAGTGTTTAACGTGTACATGGGGCGTTGTAATATTAATGTTAATTAGATATAC
ATGTGGAATAAATAGAAAAACAATTATAAAATCACTAAGTTCAATTGTAAATGTGCCAG
CGAACAATGCTTGTGCAGCCACCTAAAAATACGTAGCCCTGCCGTTGCATTATACTTTTTA
CAAAACTGCAATGTCTAATATTAGTGACATATATGGTGAGACACCAGAATGGATACAGCG
ACAAACACAAATACAGCACAGTTTTTCAGGACTGCCAATTTGAACTGTCGAAAATGGTGCA
ATGGGCATTTGATAATGACGTAACAGATGACAGTGACATTGCATTTTACTATGCACAGTT
AGCAGATGTAGATAGTAATGCACAGGCTTTTTTAAAGCAATATGCAGGCCAAATATGT

AAAGGATTGTGGAATAATGTGCAGACACTATAAAAGAGCACAACAACAACAAATGAACAT
GAAACAATGGATTACACACATATGTAGTAAAGTAGATGAGGGCGGGGACTGGAGGCCAAT
TGTACAGTTTTTAAGATATCAAGGGGTGCGACTTCATTTTCATTTTTAAGTTATTTTAAATT
ATTTTTACGAGGCACACCAAAACACAACCTGCCTAGTATTATATGGACCACCAAACACAGG
AAAGTCATGTTTTGCTATGAGCCTTATACAATTTTTTTCAGGGGTCTGTTATTTTCATATGT
AAATTCACACAGTCACTTTTTGGTTACAACCGTTAGACAATGCTAAATTGGGAATGCTAGA
TGATGCCACAGATGCATGCTGGAGATATATAGATGAATATATGCGAAATTTATTAGATGG
GAATCCTGTAAGTTTTAGATAGAAAACATAAAACAACCTAGTACAAATAAAAATGTCCACCAGT
AATAATAACAACAATATTAATCCACTGCACGATGCAAAATTGCAGTACTTGCACAGTAG
AATACATGTGGTGCCATTTCTAAATCCATTTCCAATTGATACAAATGGTAATCCTGTATA
TCAATTAAATAATGTAAACTGGAAATGTTTTTTTGAAAGGACATGGTCCAGATTAGATTT
GAACAACGACGAAGACAAGGAAAACCATGGAGACTCTATGCCAACGTTTAGATGCGTGCC
AGGAGAAAATCTAGACTGTTTTGAAAACGATAGTAAAAAAATTGAAGACCATATAGTGT
ACTGGAAGCTGTACGACATGAAAATGTTGTATTATATAAAGCAAGACAAAATAATATTA
CTAACTACGCCACCAGGTGGTGCCATGTTTACAAGTGTGTAAAGCAAAGGCATGTGTTG
CTATAGAAATACAAATGGCATTGGAATCATTATATAAAACAGAGTATAAAGTGGAGGAGT
GGACATTAAGAGATGTATGTGAAAATATGTGGCATAACAGCACCAAAACAGTGTTTTTAAAA
AAAGTGGAAAACGTATAGAAGTGTGGTTTGATGGGAAAAAAGACAATCGAACTGAATATG
TTGTGTGGCAATGGGTGTATTACTGTGGGGACAATGGGTGGACTAAAGTGCCTTCTGTAG
TAGATGACAAAGGTATATTATGTACATGACGGTAACAAAGTATATTATACAGACTTTA
ATGACGAGGCAGTAAAGTATGGGTATAAAGGCACATGGGAAGTGCATATGGGAAATGAAA
GTATTTATTGTCCCGACTCTGTGTCTAGTACCCTCAGATCCAACGTATCCCCTGTTGAAA
CTGTTGTGCAATACAACACCTACAACACCTATCAAACCCCCACCACCTCCACGCCCCGTGG
GCGCCAACGAAGCCGCGTCTCCGCACGGCCGGGAAAACGTCCTAGAACACAGAGCCCCG
ACAGTACAGACACCACCAGACAGTCCGCTGCCAGAGAGTCCCACGCAAACCGTGTCAACA
CAAACAACACAACAACAGACAGTGCCTTGGTGGAGCTACATGTTACAACACAGAAGTCG
ACGGTGGTTATAAACTACACCTGTAGTGCATTTAAAAGGTGAACCAAACAGATTAAAGT
GTTTAAAGATATAGGTGTCAAAAACATAAGCACCTATTTGTAAATATATCGTCTACATATC
ATTGGACCAATACACATACAGAGTACAGCTACATTACTGTTGTATATAAAGATGAGACCC
AGCGTGCCAACTTTTTAAATGTTGTAAAAATACCACCCAGTATAAAAAATTGTAATGGGAC
ATATGACAGGTGTTGATATGTAACAACACATATGTTGTAATTGGTACAACAAACATGTAA
TATTGTATTCCACATGTAAATATTATTGTGTACTATAGTTATACAACAACAAACGCCATA
TTTTGCTGCTACGCCTGTTATATATTGCAACCATTGTTTTATTTGTTAGTTTTGTGTTTT
TGCTTTGCTGTTTTGTGTGCCTGTGTGTCTGCCTATATGTGCCGCTTTTGCTGTCTGCCT
CGTTGTTTTCTACCTGTTTATTACTTATAATATTGTTTTTGGTTTGTGTTGCATCGTCCT
ACATTACTGCATTTACTATATTTTTGCTGTTTTTTTTATATACCTTTATTACTTGTATATG
CCCATGCTGTGTGGTTAATAAACACACAATAAATTGTTTTGTAACATATTACACTTTTGC
TTTGTGTAGGGCGTGTACTATGGTCGCCCCACGGGCACGCAGACGAAAACGGGCCTCTGC
TACTCAGCTGTATCAAACGTGCAAGCAGGCTGGCACATGTCCATCTGATGTTATTAACAA
AATTGAACACACAACCTTTGGCAGATAAGATATTACAATGGGGTAGTTTGTTTACATTTTT
TGGTAATTTAGGTATAGGCACTGGTGCAGGCTCTGGGGGGCGTGCTGGTTATGTTCCGTT
AGGTACACGGCCTACAACAGTTGTGGACGCATCCCCTGCTAGGCCACCTATTGTTGTTGA
ATCTGTGGGTCCCTACGGACCCTTCCATTGTTACACTGGTTGAGGAGTCTAGTGTGGTTAA
TGCTGGAGCATCATTCCTAATTTTACAGGCACTGCAGGCTTTGAGGTTACGTCTTCCTC
TACCACAACACCTGCTGTATTAGACATTACACCTACCACTGGCTCTGTCCATGTTAGTAG
TACCCATTTTACCAATCCCTCCTTTGTTGAACCCCCAGTTATTGAGGTTCCACAACTGG
GGAGGTATCCGGCCATATATTGGTTAGCACTCCCACATCTGGTGTACATAGTTATGAAGA
AATACCTATGCAAACATTGTCTGTGCATGGTACAGGCACTGAACCTATTAGTAGTACCCC
TATTCCTGGGTTACGAGCTATAGCTGCCCTAGATTGTATCAAAGGGCCTTTCAGCAGGT
AAAGGTCAGTGACCCACATTTCCTTACCAACCTGAAACATTAATTACTGTGGATAATCC
AGTCTTTGAGGATGCTGACACAACCTTTAACCTTTTCACCATCGGGTGTGGCACCTGATCC
TGACTTTTTTAGATATTGTGGCTTTACACAGACCTGCCTTTACAACACGTAGGGGTGGTGT
GCGTTTTTAGTAGGCTTGGTACAAAGGCCACAATGCGCACAAGAAGTGGCAAACAAATAGG
TGCTCGTGTACATTATTATTATGATGTGAGTCCTATTGCACACACTGAGGAAATTGAAAT
GCAGCCATTATTGTCTGCAAATAATTCATTTGATGGCCTATATGATATTTATGCAAACCT

TGATGATGAGGCGCCAGTGTCTACCTATCCATTGCTACACCGTCCCGGTTGCCTAC
CAACACTGTTTCCTTTGTCCTTTAGTAGTCAAAC TACCAATGTTACTATACCTTTGGGTAA
ATATTGGGATGTTTCCTATTTATTCGGGCCCCGATATAGTATTGCCTACTGGTCCTACCAC
ATGGCCCTATGCCCTCAGGCCCCATTTGACACTACACATGATGTGGTTATACATGGATC
TACATTTGCTTTATGGCCTGTATACTTTTAAAGGCGTAGGCGTCGTAAACATGTTCCCTA
TTTTCTTGCAGATGGCGGTGTGGCGGCCCTAGTGAAACCAAGGTTTACCTGCCTCCTACAC
CTGTATCAAAGGTGGTACCAACAGATGCATATGTAAAGCGCACCAATATATTTTATCATG
CAGGCAGCTCACGTTTGCTTGCTGTTGGACATCCATATTATTCTATTTCTAAGGCTGGTA
ATTCCAAAACAGATGTTCCCAAGGTGTCTGCATTTTCAGTATAGGGTCTTTAGGGTCCGCT
TGCCCCGATCCCAATAAGTTTGGGTTACCTGATACCAATGTATTTAATCCTGAGCAGGAGC
GGCTGGTATGGGCCTGTGTGGGCCTGGAAATAGGCGCTGGCCAACCTTTAGGTGTTGGTG
TTAGTGGCAATCCTTTATTTAATAAAATTGGATGACACTGAAAGTTCCTACTATAGCTAATC
AGGATACAGCAGAGGATAGTAGGGACAACATTTCTGTTGATCCAAAGCAAACCCAATTGT
GTATTATTGGGTGCACTCCTGCTATAGGAGAACATTGGGCTAAAGGCACTGCCTGTCGTT
CTGCGCCCCCTGCACAAGGGGATTGTCTCCCTTGGAAC TTGTTAATTCTCCTATACAGG
ATGGCGACATGGTTGATATTGGGTTTGGTGCCATGGATTTTAAACATTACAGGAATCTA
AATCAGATGTGCCTTTAGATATTTTACAATCCACCTGTAAATATCCTGATTATTTAAAAA
TGAGTGCAGACGCCTATGGCGATTCTATGTGGTTCTATTTGCGTAGGGAACAGTTATTTG
CTAAGGCACTACTTTAATAGGGCAGGTGCTATTGGTGAACAATTACCTAGCACATTATATA
TAAAGGTACAAATAACAGGGATCCCCCGCAAGCTCAGTATATGTTGCTACTCCTAGTG
GGTCTATGGTAACCTCTGAGGCTCAGTTGTTTAAATAAACCTTACTGGTTGCAACGCGCAC
AGGGACACAATAATGGCATTGTGTTGGGGCAACCAGGTATTTGTTACTGTTGTGGACACCA
CTAGGAACACAAACATGACTATATCTGCAACCACACAAACGTTATCCACATATAATTCAA
GCCAAATTAACAGTATGTAAGACATGTAGAGGAATATGAATTACAGTTTGTGTTTCAAC
TGTGTAAAAATTTCACTGTCTGCAGAACTATGGCCTATTTACATACTATGAACTCCACTT
TACTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTCACCCCCAGCTGCCACAAGCTTAGAGGACAAAT
ACAGATATGTTAAAAGCCTTGCTATAACCTGTCAAAGGATCAGCCTCCTGCTGAAAAAG
AGGACCCACTAGCTAAATATAAGTTTTGGGATGTTAACTTACAGGACAGTTTTTCTGCTG
ACCTTGACCAATTCCCCTGAGGAGAAAGTTTTTAAATGCAACTTGGGGTTCGTACTAAAC
CTTCTACTACTACTAAAAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCATCAGCCA
AACGCAAGCGGCGGTGATTGTTTGTGTCTGTGTATGTTTCCTTACTATTTATTGTGCATG
AATGTATGTTTTTGTATGGATGTATGTTTGTGTTTATATGTTTCTGTATGACTGTATGTAT
GTGTAATGACTGTATGTATGTAATAAATATGAATGAGTCTTACTTTTACGTGTGGTTACA
TAAACTAAGGTGCGGTTGTGTCCCTAGGCATTTAGGTAGCAATTTAGGTGGCGTCCCTAT
GTCCTCCACCTTTTTTGGTTGTTGCACACCACCTGTGCAGTTACTTTTTATATTTATATTA
TACCACCACAGTAGTGTCCATTTTATGCATTTGTGCCCTCCATTTTACCTTTCAACCGAT
TTCGGTTTCTTGGCATGTATGAGTGTTTTTTATATGTACATGCCAAAAGTACATTCAGCA
AAACACTTAATCCACTGGCATGGTGCCGTTTCTGCACTTTATGTTTTTTTTTGTCAACGT
AAGACGCCTCGCCTTATTAGTCATATATGTATGCTGCCAACTATGCTTTTATCAGCATAC
TTTACTGCTGTTGGGCATAAGTTTTTATTGCAAACATCTGCAACACAATGATTTGGCTTG
CAGCATATATTTTGGTAGCCAACCTATGTGTCTTGTAAGCAGGTGTGTAAAACCTTACTC
ATATCCCACAACCGGTTACGGTTTTTGAGCAACAAGTTTATTTTATAATTAT

>gi|396964|emb|X74473.1|_HumanPapillomavirus_type_27_genomic_DNA

TATGTGGTTTATAATATATAACTATAATCCTTTATTTAAAAATAGGGTGTAACCGAAAAC
GGTCCGACCGAAATCGGTCGTATAAAAACAGGAGCAGGATGCGCACAAGGGCAGGGATGT
CAGAAGAGAATCCATGCCCTAGGAACATCTTTTGCCTTGCAAACAGTATGGTCTGGAGC
TAGAGGATTTGAGATTGCTCTGCGTGTATTGCAGACGAGCGCTTTCAGACGCTGATGTAT
TGGCAATTTGCAATAAAAGAACTGTCTGTAGTGTGGAGAAAGGGCTTCCCTTTTGGAGCAT
GTGGAAAATGCCTGATTGCAGCAGGAAAACCTAGACAATACAGACATTGGCATTACTCAT
GCTACGGAGACACAGTGGAGACCGAGACAGGAATACCCATACCTCAGCTGTTTATGAGAT
GCTATATCTGCCATAAGCCCCTGAGCTGGGAGGAGAAGGAGGCATTACTGGTTGGAAACA
AGCGATTCCACAACATATCCGGCCGGTGACGGGACACTGCATGCAGTGCGGGTCAACAT
GCACGGCACCCGACCCAGCCTCGCGGACATTACATTAATATTGGAAGAAATACCCGAAAT
TATTGACCTACATTGCGACGAGCAATTTGACAGCTCAGAAGAAGAGAATAACCATCAACT
GACAGAACCAGCTGTGCAGGCCTACGGGGTGGTAACAACCTGCTGCAAGTGCGGCAGAGC

CGTCCGGCTGGTGGTTGAGTGCGGACCAGAAGACATAAGAGATCTGGAACAGCTGTTTCT
GAAGACGCTGAATCTAGTGTGCCCCACTGCGCGTAGCGTTATGGAGGATTCCGAAGGTA
CCGACGGGACAGAGGAGGACGGGTGCCGGGCAGGAGGGTGGTTCCATGTGGAGGCCATTA
TAACACACGGCCAGAGGCAGGTATCCAGTGACGAGGATGAGGACTGCACAGAAACAGGGG
AGGATGTAGACTTCATAGACAATAGGGTTCCCGGAGATGGGCAGGAAATTCCTTGCAGC
TATATACACAGCAAATCGCACAGGATGACGAAGCAACAGTGCAGGCCCTAAAACGAAAGT
TCGTGGCTAGTCCTTTGTCTGCATGCTCATGCATAGAGAATGATTTAAGTCCCAGATTAG
ATGCAATCTCCCTAAACAGAAAGTCAGAAAAGGCAAAGCGGCGCCTATTTCGAGACAGAAC
CACCAGACAGTGGGTATGGCAATACGCAGATGGTTGTTGGAACACCAGAGGAGGTAACGG
GGGATGAGAACAGCGAAGGGGGGCGGCCGGTGGAGGATAAGGAGGAGGAGCGTCAAGGGG
GAGACGGAGAGGCAGACCTAACTGTACAAACTCCACAGTCAGGAACAGATGCGGCGGGTA
GCGTGCTGACCTTACTGAGAAGTAGCAATCTGAAGGCGACGTTACTGAGTAAGTTTAAGG
AACTGTTCCGGGTGGGATATTATGAACTGGTAAGACAGTTCAAGAGCAGCAAGACAGCAT
GTGCAGACTGGGTGTCTGTGCCTTTGGCGTGACTATGCTGTAGCAGAGGGTATCAAAC
AATTAATACAGCCACATACGCAATATGCACACATACAGGTACTGACCTGCTCGTGGGGCA
TGGTGGTCTTTATGCTGCTACGATACAACTGTGCAAAGAACAGGGACACGGTGTCCAAGA
ACATGAGCATGCTGTTAAACATCCCTGAAAAGCATATGCTCATAGAACCACCAAACTAA
GAAGTACCCCTGCTGCCCTTGTATTGGTACAAGACGGCTATGGGTAAACGGAAGTGAGGTAT
ATGGGGAAACACCAGAATTGGATTGTAAGACAGACGTTGGTAGGACATAGTATGGAAGATG
AGCAGTTTACACTCTGTCTATGTTACAAATTTGCATACGACCATGACATTGTAGAGGAAA
GTGTGCTGGCATTTCAGTATGCACAGCTCGCAGATGTAGATGCCAATGCAGCAGCATTTTC
TAAACAGTAACTGCCAGGCCAAGTACGTGAAGGACGCAGTGACAATGTGCAGACACTACA
AACGTGCAGAGAGGGCACAGATGAGTATGTCCCAGTGGATAACATTTCAGGGGAAATAAAG
TATTAGAGGAAGGCGACTGGAAGCCCATAGTAAAGTTTTTTAAGGCACCAAGGGGTAGAGT
TTGTGTGCTTCCTTGCCGCCTTTAAATTATTTTTTAAAGGCGTGCCAAAAGAAAAATTGTA
TAGTGTTTTATGGACCTGCAGACACAGGCAAGTCATATTTCTGCATGAGCTTGTTGCAGT
TCCTAGGTGGCGCTGTTATCTCATATGCTAATTCAGCAGCCATTTTTGGCTTCAGCCTT
TATCTGATAGTAAGATAGGGTTACTGGACGATGCAACACCCAGTGTTGGAGCTATATAG
ACACATATTTAAGGAATTTGCTGGATGGAAACCCAGTAAGCATAGACAGAAAACATAAAA
CCCTGCTGCAGCTTAAATGTCCACCCTTGATGATTACAACCAACATTAATCCCCTTGAGG
AGGACAGATGGAAATATTTGCGCAGCAGGCTAACACTGTTTACATTTAACAATCCATTTTC
CTTTTGCAAGCCCGGGGAACCCCTGTATCCAATAAATAATGCAAACCTGGAAATGCTTTT
TCCAAAGGTCGTGGTCCCGCTTAGACCTAAACAGTCCAGAGGAGCAGGACGACAATGGAA
ACACTAGCGAACCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTGCTAGAACTTTATGAAAAAGAT
AGCAACAAACTTGAGGATCAGATTAAGCATTTGGGCGCAGGTTTCGGCTAGAAAATGTCATG
CTGTTTAAGGCCCGGGAATGTGGAATGACACGAGTCGGCTGTACAACAGTGCCCGCCCTC
ACCGTGTCAAAGGCTAAGGCATGTACAGCCATAGAGGTACAGCTGGCATTACAGACATTG
ATGCAGAGTGCCATATAGCACGGAGGCATGGACCTTACGAGACACGTGTCTGGAGATGTGG
GATGCACCTCCAAAGAAATGCTGGAAAAAGAAAGGACTGTCAGTATTAGTGAAATTTGAT
GGCAGCAGTGACAGAGACATGATTTATACAGGCTGGCACCACATATATGTGCAGGATGCT
AACGATGACACCTGGCACAAGGTTCCAGGGAAGGTGGACGAACTGGGATTATATTATGAG
CACGATGGTGTGCGTGTTAATTATGTGGACTTTGGAACCTGAGTCCTTGACCTATGGGGTC
ACTGGGACGTGGGAGGTGCACGTGGCTGGACGTGTTATTACCATACATCTGCATCTGTG
TCTAGCACCCAGGCCACCGCCTCGGACGACGAACCACTATCCCCTATTAGACTTGCTGTA
TCCCCAGTCCCAGCCCCAGCATCAGCAGCATCAGCAAGAACAGGAACAGCTCCGCCACCA
AACTTGCTGTGCACCGCCCCGGCGCCACCGAGTCCGCCGGCCAAGCGCCAGCGGGTCATC
GTCGGACAGCAGCATCTCCGGCCCCGACTCTACGCGAACGGTCGGAGAGGGGCAAGTGGAG
TGTTACGACAAAAGGAGCATCAGTAACACTAACAGCACAGCTCCCCGGTGGGACCACGGT
GACACTGACACTGTGCCTGTAAATCCATTTGCGAGGTGATGCAAATTTGTTTAAAGTGCTTC
CGATACAGGGTACAAAAACATAAAGACAGCTGTATGACAGGGTGCTCCCTCCACGTGGCAC
TGGGCCGGTGGAAAAGTGTGATAAGACAGCCTTTGTGACAGTGTGGTACACCAGTGTGGAG
CAGCGTAAAGAGTTCCTGACAAGGGTCAACATACCTAAGGGGGTGATAGCATTGCCAGGG
TATATGTCTGCCTTTGTATAGACCTACATGCCTGTATAGAACGTATGGTCCAGAACATTT
CAAGGCCTGCTTAGTCAACACAGCCCTGGACTACTTCCTTTGCGTGGTGGCAGGGTGGAC
ACATCTGCTTGTGCTACTGCTATTCCCTTTGGCTCTCTCAACTAACTGCTCTTGTGGCCTT

TTTGGTGTCTTTTTCTGTGTCTATCTAGGGTTGTGGTTGATATACGTGCAGGCCTTTTG
GTTTTTACAATAATTGTGACATATCGCCACCATTTGCTGCTAACCTGTATATATAGTTTT
ACCACTTGTGTTATTTGCAATGTACCCTGTTGTGTATAAAGGGTCGGAGGGGACATATCC
TGTGATATTGTGGGGTCGTGATGATATTGACTGTCTGTTGGTGATTCTCACCCCTCATTGG
CTTATTATTGTTGTTGTTTTATGTCCGTTTGATCCAACACACCTAACACCCCTCACCCCT
TTTGATACATTATCTCTTTTTCATACATTGTTTTTTTTTGTACTTGCTGCGTTGTAATAAAC
TTGCACCCATGCCTCGTGCCAAGCGTCGGAAACGCGCCTCCCCACCGACCTCTATCGTA
CATGCAAGCAGGCAGGTACCTGCCCCCAGACATTATTCCAAGGCTAGAACAAAACACCT
TGGCAGATAAAATATTAAAGTGGGGCAGCCTAGGGGTCTTCTTTGGCGGTCTTGGTATAG
GCACTGGCAGTGGCACGGGGGGACGTACCGGGTATATTCTGTAGGTACCAGGCCGACCA
CTGTGGTTGATATTGGTGTGGCACCCAAGCCACCTGTTGTTATTGAACCTGTGGGGGCCT
CAGAGCCCTCTATAGTCACTTTGGTAGAGGACTCCAGCATCATAAATGCAGGCGCTTCCC
ATCCCACCTTCAC TGGTACAGGTGGGTTCGAGGTTACAACCTCCACCGTTACAGACCCCG
CTGTCTTGGATATCACCCCTCAGGTACCAGTGTGCAGGT CAGCAGCAGTAGCTTTTTGA
ACCCACTATACACTGAACCCGCAATTGTGGAGGCTCCTCAAACAGGGGAGGTATCTGGCC
ATGTACTTGT TAGTACAGCCACTTCAGGGTCTCACGGCTATGAGGAGATACCAATGCAGA
CCTTTGCTACGT CAGGTGGAAGTGGTCAAGAGCCATAAGTAGCACACCCCTTCTTGCG
TGCGTAGGGTTGCAGGGCCCCGCTTGTACAGTAGGGCAAATCAGCAGGTGCAAGTCAGGG
ATCCTGCGTTTCTGGAAGGCTGCTGATTGTTGTTAACATTTGACAACCCCTGTGTATGACC
CAGAGGAGACCATAATATTT CAGCATCCAGACTTTTCATGAGCCACCGATCCTGATTTCT
TGGACATTGTGGCTTTGCATCGTCCTGCCCTTACGTCCAGACAAGGCACAGTCCGTTTCA
GTAGATTGGGACGCAGGGCCACACTTCGCACCCGTAGTGGTAAACAGATTGGGGCTCGGG
TGCACCTCTATCATGATATCAGCCCTGTCGTCCTGATGAATTGGAGATGGAGCCATTGT
TACCCCCAGCTTCTACTGTAGGATCAGATGTTTTATATGATGTTTATGCTGATCCTGATG
TCCTGCAGCCATTGGACGATTACTACCCAGCCCCTCGCGGCTCCCTGGCTAATACCACGG
TATCTGCCTCCTCTGCATCTACACTGCGAGGGTCCACTACAGCCCCCTCTCTCGGGTGGTG
TTGATGTGCCTGTGTATACTGGGCCTGATATTGAACCACCGTTGTTCTTGGTTTGGGGC
CCCTCATTCTGTGGCTCCATCGTTGCCATCCTCTGTTTACATATTTGGGGGGGATTATT
ATTTACTGCCAAGTTATATCCTGTGGCCTAAACGACGTAAACGTGTCAACTATTTCTTTG
CAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAATGAAAGCAAGGTATACCTACCTCCAACACCTGTTTCA
AAGGTGATCAGTACGGATGTCTATGTCACGCGGACGAATGTCTATTACCATGGTGGCAGT
TCTAGGCTCCTCACTGTGCGCCACCCATATTATTCTATAAAGAAGGGTAGCAATAATAGG
TTGGCAGTGCCTAAGGTGTCCGGCTACCAATACCGTGTATTTACGTTAAGCTGCCAGAT
CCCAATAAATTTGGCCTGCCTGATGCTGACCTATATGATCCAGACACTCAAAGACTACTG
TGGGCGTGCGTGGGAGTAGAGGTGGGCCGAGGGCAGCCTTTAGGTGTGGGTGTGTCTGGA
CACCCATATTATAATAGGCAGGATGACACTGAAAATGCACACACACTTGATTCAGCTGAG
GATGGAAGGGAAAAATATTTCCATGGATTATAAACAGACCCAGCTGTTTATTCTTGGCTGT
AAACCCCTCTATTGGTGAGCACTGGTCCAAGGGAACCACCTGTAATGGGTCTCTGCTGCT
GGTGACTGCCCCGCCCTCCAGTTTACTAATTCAACTATTGAGGATGGGGATATGGTTGAA
ACAGGGTTTGGTGCAATTGGATTTCCGCCACTCTGCAGTCCAATAGGTCTGATGTTCCTTTG
GATATTTGTACAAACGTCTGTAAATATCCAGATTACCTGAAAATGGCTGCAGAGCCTTAT
GGTGATTCCATGTTCTTTTCGCTGCGTAGAGAACAGATGTTACCCGTCATTTTTTCAAT
AGGGCTGGTAAGATGGGTGACACAATCCAGATGAGTTGTACATTAAGGTACCACTATC
TCGGACCCCGGCAGTCATGTGTATACCTCCACTCCTAGTGGCTCTATGGTGTCTCTGAA
CAGCAATTGTTAATAAGCCCTACTGGCTACGGAGGGCCAGGGACATAATAATGGTATG
TGCTGGGGCAATCGGATCTTTCTGACTGTGGTGGACACCACACGGAGTACCAATGTCTCT
CTGTGTGCAGCTGAGGTGTCTGATAATACTAATTATAAAGCTACGAATTTAAGGAATAC
CTCAGGCATATGGAGGAGTATGATTTGCAGTTCATTTTCCAACCTGTGCAAAATAACCCCTC
ACTCCTGAGATAATGGCCTACATACATAATATGGATCCCCAGTTGTTGGAGGACTGGAAC
TTCGGTGTACCCCCCGCCGCTGCCAGTTTGCAGGACACTTATAGATATTTGCAGTCC
CAGGCTATTACGTGTCAGAAACCTACGCCCCCTAAGACCCCTACAGATCCCTATGCCAAC
ATGACCTTCTGGGATGTGGACCTACGGGAAAGTTTTTCTATGGATCTGGACCAATTTCTCT
TTGGGTGCGAAGTTCTTATTGTCAGCGGGGGACGACGCCACCGTGTCTCGAAAACGCACC
GCTGTTGGGCGCGGCCACTAGTAAACGCAAACGGGTGAGGCGTTACGTGTGAGTGTCTCG
ATAATTTCTCTGTCTACCTTTTACATAATATTTGGTGTTGTTGTGCTTATGTTTGTGT

TGTTGTTTGTACGTATGTTACATGTATACATGTATGGTATGTATCCCCCTCCCGTATGAAT
AAACGTGTGTCATGTGTTGTGTGTTCTGTAACTGTTCTTTGTGGTGCACGGGTTTCTGCA
CCCTATTGTCTTTTGTGTAGCCCCAGTTTCATGCGACCGTTTTCGGTTGCGTGCAGTTT
CGGTGCGGCGCCGTTGCCAGCACAGCTTAATCCTTTAATTGCTCACATCCTAAAGTGTTAG
CTGTGCCAGCAACAATGAGTTTGGATTTTTTGGTTGTTTAATGCTTTTTCTTTTAGTTTT
TCCTTTCTCTGTGCCAGGCGGAGAGGGTGTGTGCATTCCTAGGCTGATTATGGTTCGTGT
GTTGGCACAGATTTCTACTGCGTCTGCAGGAAAACCTGCAGCAACAGCACTTTGGGCGCG
TCGTTTCTGCAGCCAACCTTTCACCTGCCAACTTGTCTTGCCGCGCATTCCAAGAAACACA
CCTATTCCGGTCGCAATGTCTAC
>gi|396948|emb|X74471.1|_Human_papillomavirus_type_25_genomic_DNA
TAACGGTAAGTCTATTGATACGGGCGCGGTTAAATTATTACTCATTCGTACTTGTGCTG
CCAACAATCAGCATTAGTAACTTGTTCCTGCTGTATCGTTATCGACACAGGTGTGTTAT
ACATACACGTAGA
CACTGCAGCATTAGGACTTATGGCAACTGCAAATGCTGAACAGAGCATAGGACCACCAGA
GCAAGCGCAGGTTATACAGCCACCATTGCCAGCAACAATTACTGATCTAGCAGCTTTATT
GGAAATTCATTAGATGATTGCTTAGTACCTTGCAACTTCTGTGGCAACTTTCTAACATA
TTTAGAGATCTGTGAGTTTGATGAGAAAAGACTTAGTTTGATTGGAAGAATATCTTGT
GTATGCCTGCTGTGCTGTTGTTGTCACAGCAACTGCCACATTTGAATTTAATGAATTTTA
CGAAAGCAGCTGTAACAGGTAGGAAAATTGAAGACGTTACAGGTAAATCAATTTTTTGACAT
AGATGTTAGATGTCAAACGTGCATGAAATATCTTGATGCAATTGAAAAGCTTGATATTTG
TGGCAGAAGACGTCCTTTCCATCTAGTAAGGAGCTCTTGGAAGGAATCTGTAGGCTGTG
TAAGCATTTCTATAATGATTGGTAAGGAGGTCACATTGCAAGATTTTACATTAGAGTTAA
GTGAATTGCAGCCTGAGGTACAACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAGTTGCCGGCTG
AGCATCAGGAAACAGAGGAGGAGCCTGCTATTGACAGAACTCCATACAAAGTTGTTGCGC
CTTGTGGTTGCTGCGAGGTCAAGCTTCGCATCTTTGTGAAAGCCACTGATTTTGGTATTA
GAACACTACAAAACCTTCTAATTGAAGAACTGCAGCTGTTGTGTCCGGAGTGTGCGGGGA
ACTGCAAAACATGGCGGATCCTAAAGGTAGTACATCTAAAGAAGGGTTAATGATTGGTGT
ATTTTGAAGCTGAATGTAGTGATATAGACAATGATTTGGAACAATTATTTGATCAAGAT
ACAGACTCAGATATTTAGACTTATTAGATGAGAATGACGTGGAACAGGGCAATTCTCGG
GAACTATTTTCATCTACAAGAGTGTGAGGAAAGCGAGGAGCAATTGCAAAAACCTAAACGA
AAGTACTTAAGTCCAAAAGCTGTGCGACAGCTTAGTCCGCGATTGCAAGTATTTCTTTG
TCACCTCAGCAGAAGTCTAAACGAAGGCTCTTTGCAGAGCAGGACAGCGGGCTCGAATTG
ACTTTAACAAATGAAGCTGAAGATGTTTCTCCTGAGGTGGAGGTACCGGCTTTAAACTCT
CAGCCGGTAGCTGAGGGACAATCAGGGGACATAGACATAAGTTATACAGCATTATTGCGT
GCCAGCAATAATAAGCAATATTAATGGCAAAATTTAAAGAGGCTTTTGGGGTAGGGTTT
AATGATCTGACACGTCAATTTAAGAGTTACAAAACCTGTTGTAATGCTTGGGTATTCTTCT
GTATATGCAGTGCATGATGACCTTATAGAAAAGTTCAAAGCAGCTTTTGCAACAGCATTGT
GACTATGTGTGGATCCGTTGGGATAGGAGCCATGTCATTGTTTTTAGTTTGTTTTAAGGCG
GGAAAAAATCGTGGTACTGTTTCATAAAATTGATGACAACTATGTTAAATGTGCATGAAAAG
CAAATATTATCGGAACCACCAAAATTAAGAAAATGTTGCTGCAGCACTGTTTTGGTATAAA
GGATCAATGGGTTCCGGAGTATTTACATATGGCTCATATCCAGATTGGATAGCCCACCAA
ACAATATTGGGCCATCAAAGCGCTGAAGCTAGTACATTTGATCTATCGGACATGGTTCAA
TGGGCATTTGATAACAATTATTTAGACGAAGCAGATATTGCATATCAATATGCTAAATTG
GCGCCAGACAATAGCAATGCTGTTGCATGGCTCGCACATAATAATCAAGCCAAATTTGTG
CGAGAATGTGCATCCATGGTGAGATTTTATAAAAAGGGTCAGATGAAAGAAATGAGTATG
TCTGAATGGATTTATACTAAAATTCATGAAGTGGAAGGAGAGGGTCAATGGTCCACCATT
GTACAATTTTAAAGTATCAGCAAGTCAACTTTATAATGTTTTTAGCTGCCTTAAAAGAT
TTACTGACCTCTGTTCCGAAACGAAATGTATACTTTTTTATGGACCCCCCAATACGGGG
AAATCAGACTTTTACTATTGTCATTAAGTAAAGTGTAAAGGGTAGGGTATTATCATTCTGT
AATTCCAAAAGTCAATTTTGGTTACAACCGTTGTGAGAATGTAAAATAGCTTTGCTAGAT
GATGTACAGAGCCCCGTGTTGGGTGTACATGGACACATATCTGAGAAAATGGCTTAGATGGA
CATTATGTGTCTATTAGATTGTAAACACAAGGCACCAATGCAGACAAAATTTCTTGCACATA
TTGCTTACATCCAATATAAATGTGCACAATGAAGTGAATTATAGATATCTGCACAGTAGA
ATAAAAGGATTTGAGTTTCCAAATCCTTTTCCAATGAAAGCAGACAATACTCCCCAGTTT
GATTTAACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTTACAAGGCTTTGGCATCAATTAGACCTG

AGTGACCAAGAAGACGAGGGCGAAAATGGAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGTTCTACA
AGATCAGCTAATGAACATTTATGAAACTGCAGCACAAACCCTTGAGGCACAAATTGAGCA
TTGGCAGATTTTGCGAAGAGAAGCTGTGCTACTATATTTTGCTAGGCAAAAGGGTGTTAC
ACGGCTTGGATATCAACCTGTACCTGCCTTAATGGTGTCTGAAGCAAAAGCTAAGGAAGC
TATAGGGATGGTGTGCAACTGCAGTCATTACAAAAGTCTGAATTTGGAAAAGAGCCATG
GTCATTGGTTGACACCAGTACAGAGACTTATAAAAGTCCACCAGAAAACCATTTCAAAAA
AGGCCCAATGCCTATAGAGGTCATTTATGACAAAGATGCAGATAATGCCAATGCTTATAC
CATGTGGAGATATATTTATTATGTGGATGATGATGACAAATGGCATAAAAAGTGCAAGCGG
GGTGAACCACACAGGCATATATTTTATGCACGGAAGCTTTAGACACTATTATGTGTTATT
TGCTGATGATGCTCGTAGATATAGCAATACTGGACATTGGGAAGTAAAAAGTTAATAAGGA
CACTGTGTTTACTCCTGTCAACAGCTCCACCCCCCGAGTCACCAGGAGGACAAGCAGA
CTCAAACACCTCCTCCAAGACCCCCACCACTGACACCGCGTCCAGACTCTCGCCACAGG
CTCCGGAGAACGGTCACAACAAACCAGCACCAAGGGACGGAGGTACGAACGGAGGCCCTC
CAGCAGGACACGACGACAGCAAGCCCCAAGCGCGCCAGAGGCGATCAAGGTCCAAGTCCCG
GTCCCGGTCCCGTCCAGTCCCGCTCCCGTATCCGATCGAGGTGCGGGTCGCGGTGCGCG
GTCTGAATCTCAGTCGTCTAAGCGGCGATCAAGATCCAGATCCAGAAGAAAAACCTCAGC
CACCAGAGGGAGAGGTCCAGGGTCACCCACAACCACCACCAGTGACCGAGCCGCAAGGTC
ACCTTCCACCACCTCCTCTGCCACCTCCCAACGGTCACAACGATCGCGATCCAGGGCAGG
GAGCAGCAGGGGGGGCGGAGGAGGCGGGGAGACGACGACACAGATTGTCTGAATCCCC
CACCTCCAAGCGATCACGAAGAGAGTCAGGGTCTGTTAGGCTCCATGGCGTCTCTGCTGA
CGCAGTGGGAACATCAGTTTACACAGTTAGTTTCAAGACATACAGGAAGACTTGGAAGATT
ATTGGAAGAGGCTCTTGATCCCCAGTAATTTTAGTTAGAGGGGATGCTAACACGCTTCG
AAGCTTTTCGCAACAGGGCAAAGCATATGTATACTGGGCTATTTAGCTCATTTAGTACGGC
CTGGTCGTGGGTGGCTGGAGATGGCATTGAGCGTCTAGGCAGGTCCAGAATGCTCATTAG
CTTTATTTCCAACAGTCAGAGAAAAATTTTGATGATGCTGTGAGATATCCGAAGGGAGT
TGACCGGTCAATTTGGATCATTTGATAGCCTTTAACCTACTAACATTAGGCTTTGCTACTA
ACACACTAACATATCTTAACCATTTATTTTTGTTTTTATATTTTATGCTATGGCGCGCG
CCAGGCGGGTTAAGCGAGACTCTGCCACCAATATATACAGAACCTGCAACAAGCAGGCA
CTTGTCCTCCTGATGTACTAAATAAAGTGGAATACTACAATAGCTGACAAAATTTTAC
AATATGGCAGTGCTGGTGTGTTTTTCGGGGGTTTGGGCATAAGCACTGGAAAAGGCACAG
GAGGAACAACAGGTATGTACCTTTGGGAGAAGGTCCGATACGTGTTGGTGGAACCCCCA
CGGTTATTAGACCTTCTTTAGTCCCAGACACTATTGGACCATCTGACATAATACCTGTTG
ACACTCTTAATCCAGTGGAACCCACATCCTCGTCTATTGTCCCACTCACAGAGTCTTCAG
GTCCTGACCTTTTGCCTGGTGAGGTGGAGACAATCGCAGAAATACATCCTGGGCCTGTTG
TACCCTCCACTGACACCCCGGTGACAACAACCTTCTAGAGGTGCCAGCGCAGTTTTAGAGG
TTGCACCAGAGCCCACCCGCCATCGCGCGTCAGAGTTAGTGGCACACAATATCATAATC
CATCATTTTCAGGTTATAACTGAATCCACACCTGCTCAAGGTGAAAGTTCACTGGCTGATC
ACATTTTGGTTACTTCTGGTTCTGGAGGGCAAACAATTGGTGGCACTGCCAGTGACCTAA
TTGAACTACAAGAGTTTCCCCTCGCTATTCATTTGAAATAGATGAACCCACACCTCCAA
GACAAAGTAGTACACCTCTTCAAAGGATTAGGACTGCATTAAGACGTAGAGGAGGATTAA
CAAATAGACGATTGGTGCAACAGGTACCTGTAGAAGACCCTTTATTTTTGTCTCAGCCAT
CACGGCTAGTACGGTTTCAGTTTGACAATCCAGTATTTGAGGACGAAGTTACACAAATTT
TTGAGCAGGATTTAAATGATTTTTCAGGAGCCTCCTGACAGGGATTTTTTAGATATTCGCT
CATTAGGAAGGCCACAATATTCTGAAACTCCGGCTGGCTATGTACGGGTGAGTCGCCTTG
GTCAAAGACGTACCATTGCGACTCGATCTGGGGCTCAAATAGGCTCACAAGTTCATTTT
ATAGAGACTTAAGCAGTATAAATACTGAAGATCCTATTGAGCTACAGTTGTTAGGTCAGC
ATTCGGGTGATGCTACAATAGTTCAAGGCCTCACAGAAAGTACCTTTGTAGATGTTAATG
TAGATGAAAATCCATTAGCTGAAGATTTTAGTATTTCTGCACACTGATGATTTACTTT
TGGATGAAGCTAATGAAGATTTTAGTGTTTCCAGTTGGTTGTGGGTGGTTCGGCGCTCCA
CTTCTACTTACACTGTGCTCGTCTGTTGAACTACACGCTCTGCATCATATTATACCCAAG
ATATTCAGGGATACTATGTGTCCTATCCTGAGGATAGAGATACTAGTAAGGACATTATTT
ACCCTATGCCTGACCTCCCGGTGGTCATTATACACACATATGACACCAGTGGTGATTTTT
ATTTGCATCCCAGTCTGACTACAAGGCGCAGACGCAAAAGAAAATATTTATAATTTTTTC
TTTTACAGATGGCAGTTTGGCAAGCAGCTAGTGGTAAAGTGACCTTCCACCATCTACAC
CTGTTGCCAGGTACAAAGCACGGATGAATATGTGCAAAGAACTAACATCTATTATCATG

CCTATAGTGACCGCCTATTAACGTGGTCACCCATATTTTAATGTGTACAACGTCCAAG
GCTCTAAATTGCAAATTCAAAAGTGTGAGGAAATCAACACAGAGTTTTTAGGTTAAAAT
TACCAGATCCCAATCGTTTTGCTCTTGACAGACATGTCAGTTTACAATCCTGACAAAGAAA
GGCTGGTTTTGGGCCTGCAGAGGTATTGAAATAGGACGTGGGCAACCTTTAGGTGTGGGAA
GTGTGGGTCACCCATTGTTTAAACAAGGTTGGCGACACAGAAAATCCAAATCCTTATAAAG
CTAGTTCTACAGATGACAGGCAAAATGTATCATTTGACCCCAACAACACTACAGATGTTTA
TTATAGGCTGTGCTCCATGTATAGGGGAACATTGGGATAAAGCATTACCTTGTGATGATG
GCAATATTCAACAAGGGTCATGCCCTCCAATAGAATTAATTAATTCTGTCAATTGAAGATG
GGGATATGGCAGACATTGGCTATGGTAATTTAAATTTTAAAGCATTACAGCAAAACAGAG
CTGACGTAAGTCTGGATATAGTTAACGAAACCTGTAAATATCCAGACTTTCTTAAAATGC
AAAATGATGTGTATGGGGATTCTGCTTTTTTTTATGCACGGCGGGAACAATGTTATGCCA
GACATTTTTTTGTTAGAGGGGGCAAAACGGGTGACGATATTCAGCTGGACAAATTGATG
AAGGAAGCATGAAAAATGCATTTTACATACCACCTAACAGTAGTCAGGCTCAATATAATA
ATCTAGGTAACCAATGTATTTCCCAACAGTCAGTGGCTCATTTGGTATCCAGTGATGCTC
AATTATTCAATAGGCCATTTTGGTTACAGCGAGCACAAGGTCATAACAATGGTATATGCT
GGTTTAATCAGCTATTTGTCACTGTGGTAGACAACACACGCAACACTAATTTACAGCATAT
CAATCAATTCAGATGGAACAGATGTTTCCAAAATCACTGATTATAATTCTCAAAAATTTA
CAGAATATTTGAGACATGTAGAAGAATATGAGTTATCATTAAATATTACAACTTTGCAAAG
TACCGTTGAAGGCAGAAATATGGCTCAGATTAATGCAATGAATTCGAACATTTTAGAAG
AATGGCAATTAGGATTCGTTCCCTGCACCGGACAATTCTATTAGGATACTTATCGCTACA
TTGATTCTTTAGCCACACGTTGTCCAGATAAAAAATCCTCCTAAGGAAAAAGTAGATCCTT
ATAAAAATTTACACTTTTTGGGATGTAGATTTAACAGAACGCCTTTCTTTAGATTTAGATC
AATATTCACTGGGACGTAAGTTTTTATTTTACAGGCTGGTTTGCAGCAAAACAACCGTAAACG
GTACAAAAACAGTTTTCTCCCGAATATCTACTAGGGGAATAAAAAAGAAAACGTAAAAATT
AGAAATTACCGCTTTTCGATACAATAAAGTCAACTTTTTGCACAGTATTCAAGGAATGTTTA
TTTGTGCTGACTAACTAGGATACCAACCGCACCCGATACATAAAAGGTGAGTTATGTGCC
AAATCAGATACAGTCTGTGCCAAACTCAGGCAGCTGCTCGCCAGATGCGTATCGTCTTTA
GTGTTTTGACACGCTCGGATTAGGACGTTCCGCCAATGGAATACTAATATTGCCAATCGCT
TTCGGCTCTTTGTTTGGCAGAGCTCAAGACCGT

>gi|396940|emb|X74470.1|_HumanPapillomavirus_type_19_genomic_DNA

GGTAAGTTTATTGATACGGGCGCGGTTAGAAGTTACTCATTCGGTGCTTGTTGTTGCCAA
CAATCAGCGTTATGAACCTGTTTCTGCCTGTATCGGTATCGACACAGGTATTATATATAT
ATACACACACAGATAC
ATTTTGCAGCTGCAAACCTTATGGCTAACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGT
AGAAGAGGGAACACTGCACCACAGGTCACAGAGCCACCATTACCAGCAACAATTGCTGG
ATTAGCAGCATTGCTAGAAATACCGTTGGATGACTGTTTGTAGTGCCTTGTAATTTCTGTGG
CAAGTTTTTTATCACATTTAGAAGCGTGCGAATTTGATGATAAAAGACTTAGTTTGATTTG
GAAAGGTCATCTTGTGTATGCTTGCTGTGCTGCTGGTGTGCACAGCAACTGCAACATTTGA
ATTTAATGAGTTCTATGAGCATACTGTAACAGGTAGAGAAATTGAGTTTGTAACAGGTAA
ATCTGTCTTTGACATTGATGTTAGATGTCAAAATTGCATGAGATATCTTGATTCAATTGA
AAAGCTTGATATCTGTGGAAGAAGACTTCCTTTTCATAAAGTAAGAGACTCTTGGAAGG
GATCTGTAGGCTGTGTAAGCATTCTATAATGATTGGTAAAGAGGTGATATTGCAAGACA
TTGTATTAGAATTAAGTGAGTTGCAGCCTGAGGTACAACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAG
AGGAGTTACCGACCGAACAGCAGGAAACAGAGGAGGAGCCTGCTATTGAAAGATCTGCGT
ACAAAGTTGTTGTACTTTGTGGCTGCTGCAAGGTGAAGCTTCGCATCTTGTGAAAGCCA
CGCAATTTGGTATTAGAACCCTACAGGACATCCTGATTGAAGAATTGCAACTGTTGTGCC
CGGAGTGCCGTGGGAACCTGCAATCATGGCGGAGTCTAAAGGTAGTACATCTAAAGAAGGG
TTTGGTGATTGGTGTATTTTGAAGCTGAATGTAGTGATGTAGAAAATGATTTGGAAAAA
TTATTGTATGAAGATACAGATCAGATATTCAGACTTATTAGATGATAAATGACTTGGAG
CAGGGTAACCTCTCGGGAACACTATTTTCATCAACAAGAGTGTGAGGAAAGCGAAGAGCATTTG
CAAAAATAAAACGAAAGTACTTAAGTCCCAAAGCTGTGCGACAGCTTAGTCCGCGATTT
GAAAGTATTTCTTTATCACCTCAGCAGAAGTCTAAACGAAGACTTTTTTGCAGAGCAGGAC
AGCGGACTCGAGTTGACTTTTAAACAAATGAAGCTGAAGATGTTTCTTCTGAGGTGGAGGTA
CCGGCTTTAGATTCTCAGCCGGTAGCTGGGGAACAATCAGGGGACATAGACATACATTTT
ACAGCATTATTGCGTGCAACAATAACAGAGCAATTTTAATGGCAAAATTCAGGAAGCG

TTTGGGGTAGGGTTTTATGACTTAACACGCCAATTTAAAAGTTATAAAACATGCTGTAAT
GCTTGGGTTATATCTGTGTATGCAGTTCATGATGATCTGCTTGAAAGCTCAAAACAGCTG
TTGCAACAGCATTGTGACTATGTGTGGATTAGACAGACAGCAGCAATGTCATTGTTTTTA
TTGTGCTTTAAAGTGGGAAAAAACCGTGGCACGGTGCATAAGTTAATGATGTCTATGTTA
AATGTACATGAAAAACAAATATTATCTGAGCCACCTAAACTGAGAAATACTGCTGCTGCG
TTATTTTTGGTATAAGGGCTGTATGGGATCTGGAGGGTTTACTTATGGTCCATACCCAGAT
TGGATAGCACAAACAATATTAGGTCATCAAAATGCTGAAGCAAGTAGTTTTGATTTG
TCTGAAATGATTCAATGGGCATTTTGATAACAACCACATGGACGAATCAGATATTGCGTAT
CAATATGCAAAATTAGCACCCAGAAAAACAGCAATGCTGTGGCATGGCTTGACATAATAAT
CAAGCTAGATTTGTTAGAGAATGTGCGGCAATGGTGCGTTTTTTATAAAAAAGGTCAAATG
AAAGAAATGAGCATGTCTGAGTGGATTTATGCTAGAATCCATGAGGTGGACGGAGAAGGA
CACTGGTCCACTATTGCTAAATTTTTAAGATATCAACAAGTAAATTTTATAATGTTTTTA
GCAGCCCTAAAAGATTTATTGCATGCAGTGCCAAAACGAAATTGTATACTAATTTATGGT
CCTCCTAATACTGGCAAATCAGCCTTTACTATGTCTACTAATAAGAGTGTAAAAGGCAGA
GTAATATCGTTGTAAACTCCAAAAGTCAGTTTTGGTTACAACCTTTGTCAGAGTGTA
ATAGCACTCTTAGATGACGTCACTGATCCGTGTTGGATTTACATGGATACATATTTGCGA
AATGGTTTAGATGGGCATGTTGTGTCTTTGGATTGCAAACATAAAGCCCCCATTCAACT
AAATTTCTCGCTTTTACTTACATCTAATATAAATGTACATAATGAGGTAAATTATAGA
TACTTACACAGCAGAATAAGGATTTGAGTTTCCAAACCCATTTCTATGAAAGCAGAC
AATACACCTCAATTTGAACCTTACTGACCAAGAGCTGGAAATCTTTTTTTACAAGGCTTTGG
CAACAATTCAGAACTGAGTGACCACGAAGAGGAGGGCGAAAATGGAGAATCTCAGCGAACG
TTTCAATGTTCTACAAGATCAGCTAATGAACATTTATGAATCTGCAGCAGAAACCTTGA
GTCACAAATTGAACACTGGCAAATTTTGCGAAAAGAAGCTGTACTACTATATTTTGCTAG
GCGAAAGGGTGTTACGCGAATTGGATATCAACCTGTTCCACGTTAGCAGTGTCTGAAGC
AAAAGCTAAGGAAGCGATAGGGATGGTACTGCAGCTGCAGTCATTACAAAAATCTGAATA
TGGAAGTGAGCCTTGGTCTTTGGTTGACACCAGTGCAGAGACGTATAGAAGTGCTCCAGA
AAATTATTTTAAAAAGGGTCCAATGCCTATAGAGGTTATATATGACAAAAGATGCAGATAA
TGCCAATTTGTATACCATGTGGAAATTTGTGTATTACGTGGATGAGGATGACAATTGGCA
TAAAAGTGAAAGTGGGGTAAATCATACTGGTTTATATTTTATGCAAGGAACTTTAGACA
CTATTATGTGTTATTTGCTGATGATGCACGTAAATATAGTGCAACTGGACATTGGGAAGT
AAAAGTTAATAAGGAACTGTGTTTACTCCTGTCCAGCTCAACACCCCCGACTCACC
AGGAGGACAAAGAGACCCAAACACCTCCTCCAAGACCCCCACCACCACCTGACTCCGC
GTCCAGACTCTCGCCACAGCCTCCAGAGAACAGTCACAACAAACCAACACCAAAGGACG
GAGGTACGAGAGACGACCTTCCAGCAGGACCCGACGACAAACCCAAACGCGCCAGAAACG
ATCAAGGTCCAAATCCAAGTCCCGGTGCGGGTGCAGGTGCTCTTTTCGTCTAACCG
GCGATCACGATCCAAATCCAGAAGAAAGGCCTCCACCCTAGAGGGAGAGGTCGAGGGTC
ACCCACCGCCACCAGTGACCAATCCTCCAGGTACCCCTCAGCCACTTCTCCACAACCTC
CTTGCGATCAAGAGGGAGCAGCAGGGTCGGGCGCAGCAGGGGGGGGCGCAGCAGGGTCGG
GCGCAGTAGGGGGAGAGGGAAACGATCCAGAGAGTCACCATCCCCACCAACACCAAACG
GTCACGAAGACAGTCAGGGTCTTCTAGGCTCCATGGCGTCTCTGCTGACGCAGTGGGAAC
ATCAGTTCACACGGTTAGTGGAAGAAATACAGGAAGACTTGGAAGATTACTGGAAGAGGC
TCTTGATCCCCCAGTAATTTTAGTTAGGGGGGAACCTAACACGCTACGTAGCTTTTCGCA
CAGAGCTAAGCACATGTATCGAGGGCTTTTATAGTCTATTTAGCACTGCATGGTCATGGGT
GGCTGGAGATGGAATTGAGCGTCTAGGCAGGACCAGAATGCTCATTAGTTTTGTCTCCTT
TAATCAACGAAAGCACTTTGATGATACAGTAAGGTATCCTAAAGGTGTGGACCGATCGTT
TGGCTCATTTGATAGCCTTTAACATACTAACTGCTTTTTTTTGCTACTAACACAATAACTT
ACCTATATATATTTTTTTACTGCAATGGCGCGCGCCAGGCGTACTAAGCGAGATTCTGCT
ACCAATATATACAGAACCTGCAACAAGCAGGTACCTGTCTCCTGATGTAATCAATAAA
GTAGAACAAACTACAATAGCTGACAAAATCTTGCAATATGGCAGTGTCTGGCGTCTTTTTT
GGGGGTTTGGGCATAAGTACTGGCAAGGGCAGAGGAGCACTGGTTACGTGCCTTTG
GGGGAGGGTCCAGTACGTGTTGGTGGTACTGCAACGGTGATCAGGCCTTCGTTGGTTCCA
GACACCATTGGACCATCAGACATAATACCTGTGGACACCCTGAATCCAGTAGAGCCCCT
ACCTCCTCTATTGTTCCACTAACAGAGGCTTCAGGTTCTGACCTGTTACCTGGAGAAGTG
GAAACCATTGCAGAGGTGCACCCTACACCTAGTATACCCTCAACAGATACCCAGTGACC
ACAACCTCAAGTGGTGCTAGTGCTGTTTTAGAAGTTGCCCCAGAACCTGTTCTCCATCA

CGTGTAAGAGTTACTCGCACACAATATCATAATCCTTCCTTTCAAATATTAACCTGAATCT
ACTCCAACACAGGGTGAAAGCTCCTTGGCTGATCATATTCTGGTCACTTCAGGTTCTGGA
GGACAAACAATTGGTAGTTCTGGCAGTGATTTAATAGAACTTCAAGAATTCCTACTCGT
TATTCTTTTGAGATAGAAGAACCTACACCTCCACGCCAAAGTAGTACTCCAATTCAAAGA
CTTAGAACTGCATTTAGGCGAAGGGGAGGATTAACAAATAGGCGTTTAGTACAACAAGTA
GCTGTAGATGATCCCATATTCTTAACTCAGCCTTCAAGGTTAGTTTCTTTTCAGTTTGAT
AATCCTGCATTTGAAGAAGAAGTAACACAAATATTTGAACAAGATTTAGATAATTTTCGG
GAGCCACCTAATAGGGATTTTTTGGATGTGCAAACCTTTAGGTAGGCCACAATATTCAGAA
ACACCATCTGGTTACATCAGAGTTAGTCGCCTAGGCCAAAGGCGAACCATTTCGCACTCGC
TCTGGAGCACAGATAGGTTTACAAGTTCATTTCTATAGAGACTTAAGTACTATAGACTCG
GAAGATCCTATAGAGCTACAATTGTTAGGTCAGCATTTCTGGTGACGCTTCAATAGTTCAA
GGTAATACAGAAAGCACATTTATAAATATTAATATTGATGAAAATCCATTAGCTGAAGAT
TATAGTATTACTGCTAACTCAGAAGATTTGCTTTTAGATGAAGCACAGGAAGACTTTAGT
GGGTCACAGTTAGTAGTTGGTGGGCGCCGTTCTACTTCCACATATACAGTTCCCCAATTT
GAAACTACAAGGCTCGGATCATATTATACACAAGACACTAAAGGCTATTATGTTGCATAT
CCTGAAGATAGAAGTACTAGTAAGGATATAATTTATCCCATGCCTGACTTGCCGTGGTT
ATTATACATACATATGACACCAGTGGTGATTTTTACTTACATCCCAGCCTTCGCAAGCGA
TTCAAACGAAAACGTAAATATTTATAATTTCTTTTGCAGATGGCAGTATGGCAAGCAGC
TAGTGGTAAGGTATACCTTCCACCATCTACACCAGTTGCCAGGGTACAAAGCACGGATGA
ATATCTCAAAGGACAAATATCTACTATCATGCTTATAGTGACCGCTACTCACTGTTGG
TCACCCATATTTTAATGTTTTATAATGTTGCAGGATCAAAATTAGAAATTCAAAAGTTTC
AGGAAATCAACACAGGGTTTTTAGATTAAAACTACCAGACCCTAATCGCTTTGCACTTGC
TGATATGTCAGTGTATAATCCTGATAAAAGAAAGGTTAGTGTGGGGCTGCAGAGGAATTGA
AATAGGTAGAGGGCAACCCTAGGTGTAGGTAGTGTAGGACATCCATTGTTTAACAAAGT
AGGGGATACAGAGAACCCTAACTCATATAAGGGCACTTCTACTGATGATAGGCAAAATGT
ATCATTTGACCCTAAACAGCTACAAATGTTTATTATAGGCTGTGCTCCCTGTATAGGGGA
ACACTGGGATAAAGCATTACCATGTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCTCTCC
TATAGAGTTAATTAACCTCAGTTATTGAAGATGGAGACATGGCAGATATTGGCTATGGCAA
TTTAAATTTTAAGGCCTTACAACAAAACAGATCTGATGTCAGTTTAGATATAGTAAATGA
AACTTGTAATATCCAGATTTCTTAAAGATGCAAAATGATGTGTATGGTGATTCTCTGCTT
TTTTTATGCAAGGCGAGAGCAATGTTATGCTAGACATTTTTTTGTTCTGTTGGAGGCAAGAC
AGGTGATGACATTCCAGCAGGACAAATCGATGAGGGAAGCATGAAAAATACATACTACAT
ACCTCCTAACAATAGTCAGCAACAATATACTAATTTAGGAAATGCCATGTATTTCCCAAC
TGTTAGTGGCTCATTAGTATCCAGTGATGCTCAATTGTTTAAACAGGCCATTTTGGTTGCA
GCGCGCACAAAGGTCATAACAATGGCATATGCTGGTTTAAATCAGCTATTTGTCACAGTAGT
AGACAACACGCGTAACACTAATTTTAGTATATCAGTTAATTCAGATGGAACAGATGTTGC
TAAATTTGCAGATTATAATTCTGCAAACCTTTAAAGAATACTTAAGACATGTAGAAGAATA
TGAAATATCTTTAATTTTACAATTATGTAAATACCTTTGAAAGCAGAAAGTTCTGGCACA
AATCAATGCAATGAATTCTAACATATTGGAAGAATGGCAATTAGGTTTCGTGCCTGCACC
CGATAATCCTATTTCAGGACACTTATAGATATATAGATTCTTTAGCTACTAGATGCCCTGA
CAAAAATCCTCCTAAGGAAAAAGTAGATCCTTATAAAAACCTTACACTTTTGGAATGTAGA
TTTATCAGAACGCCTCTCTTTAGATTTAGATCAATATGCTCTTGGCCGCAAGTTTTTTATT
TCAGGCTGGTTTGCAACAGGCAACCGTAAACGGTACAAAACTATATCTTCACGGGTCTC
CAGCAGAGGAACTAAAAGAAAGCGTAAAAATTAAATTTGTTCTGTTTTCTGTTACAATAAAG
TCAACTTTTGCACAGTATTCAAGGAATGTTTATTTACTATGACTAACTAAGAAACGAACC
GCACCCGATACATAAAGGTGAGTTATGTGCCAAATCAGATACAGTCTGAGCCGCATCAGG
CACAGCAGCTGGCCAGATCTGATCTTCGTTGTTTTAACACGCTCGGATTAGGACTCTCGC
CAATGGAATCATAATCTTGCCAATCTCTTTGGCACTGCACTTGCCAAAGGTAAGGACCG
TTAAC

>gi|396932|emb|X74469.1|_Human_papillomavirus_type_17_genomic_DNA
CTGGAGCCAAAGGTTTTTGGCAGAACACCATCTTGGAACAGCACCGATAACGGTAAGATTAT
ATCTTGGAACCGTAGGCGGTACTTTCTGATTGGTTTGGCTGATAGTAGTTAACAACAATC
TTCTCTCATAAATATATGTGACCGCCTTCGTTACCTTAAATGATCTACATACAATATGAG
AGCTCTTACTTAAGAGCATATGGATAGGCCAAAACCTCAAACAGTGAGGGAGCTTGCTGA
TACCTTGTGTATTCCATTAGTGGATATTTTATTACCTTGCAAGATTTTGTAAATAGGTTTTT

AGCTTACATAGAATTGGTGGCGTTTGATTTAAAAGGTTTGCAGTTAATTTGGACTGAAGA
AGATTTTGTGTTTGCCTGTTGCAGTAGTTGTGCGTATGCTACAGCACAGTATGAATTTTC
TAAGTTTTATGAACAATCAGTGAGTGGAAGGGAGTTAGAGGAAATAGAGCACAAGCCAAT
AGGGGAAATACCTATTCGCTGCAAGTTTTGTTTAAAGAAATTGGATTTACTAGAGAAGTT
AGACACTTGTATAGACATCAGCAGTTTCATAAGGTTAGACGCAATTGGAAAGGCTTGTG
CAGACATTGTGGGTCGATAGGATGATTGGGAAAGAAGCTACAATACCAGATATAGTGCTT
GAGCTGCAACAGCTTGTCCAGCCCACTGACCTGCATTGCTACGAAGAGTTAAGTGAAGAA
GAGACAGAGACAGAGGAGGAGCCTCGTCGTATACCATACAAGATTGTAGCTCCGTGCTGC
TTTTGTGGTTCTAAGCTACGGCTTATTGTTCTTGCAACGCACGCTGGAATTCGTTACAA
GAGGAGCTTTTATTAGGTGAAGTACAGTTGGTGTGTCCTAACTGCAGAGAGAAGCTTCGC
CATGACTGACGACAACAAAGGTACCAAAATTTGATCCTAAAGAAGGATGTAGTCAGTGGTG
TATACTAGAAGCAGAATGTTCTGACAATAGTTTAGATGGTGATTTGGAAAAGTTATTTGA
AGAAGGTACAGATACTGAAATTTCTGACTTAATAGATGATGAGGACATTATACAGGGAAA
CTCCCGCAATTTGTTATGCCAGCAAGAAAGTGAGGAAAGCGAGCAACAGATACAATTGCT
AAAACGAAAGTATTTGAGTTCACAAGAGGTTTTGCAGCTCAGTCCGCGCCTGCAGTCTAT
CACTATATCGCCACAGCATAAGTCTAAAAGGAGATTATTTGAACGAGACAGCGGACTAGA
ACTGTCAATTAATGAAGCTGAAGATCTTACTCAGCAGACTTTGGAGGTGCAGGAGGTATC
GGCGACCGGTTCTGTACCGGCAGAACAGGGTGTCAAGGGATTGGGAATTGTTAAAGACCT
TTTAAATGTAGTAATGTGAAAGCTATGTTATTGGCCAAATTCAAAGAAGCATTGAGT
GGGATATATGGATTTAACCAGACAGTATAAAAGTAGTAAGACATGCTGTAGAGATTGGGT
AGTTACATTGTATGCAGTACAGGATGAGTTGATAGAAAGCTCCAAACAATTGCTGCTGCA
ACATTGTGCTTATATATGGCTACAACATATGTCACCTATGTGTTTATATTTATTATGTTT
TAATGTGCGAAAAAGTAGGGAACTGTATCACGATTGCTTATGAATATTCTGCAAGTAGC
AGAGGTACAAATGTTAGCAGAACCTCCAAAATTGAGAAGCATGTTGTCAGCATTATTTTG
GTATAAAGGAAGTATGAATCCAAATGTGTATGCCACGGTGAATATCCTGAGTGGATTTT
AACACAAACTATGATTAATCATCAAAACAGCACAGGCAACACAATTCGATCTATCTACCAT
GATACAATTTGCTTATGATAACGAATACCTTCAAGAAGATGAAATAGCTTATCATTATGC
TAAATTAGCAGATACAGATGCTAATGCACGAGCATTTTTACAGCATAATAGTCAAGCACG
GTTTGTAAAAGAATGTGCAATAATGGTGAGACATTATAAGCGTGGAGAAATGAAGGAAAT
GAGCATTTCTACGTGGGTACATAGAAAATTATTAGTTGTTGAAGGAGATGGACATTGGTC
TGATATAGTAAAATTTATTAGATATCAGGACATTAATTTTATTAGGTTTTTAGATATATT
TAAATCATTTCTGCACAATAAACCAAAAAAACTGTATATTAATTCATGGCCCACCAGA
TACAGGTAAATCTATGTTTACAATGTCTCTTATAAAAGTGTTGAAAGGCAAAGTGTTATC
ATTTGCAAATGTAGAAAGCAATTTCTGGCTTCAGCCATTAGCAGACACTAAGCTTGCATT
AATTGATGATGTGACATTTGTATGTTGGGACTATATAGATCAATATTTAAGAAATGGATT
GGATGGTAATGTTGTGTGTTTAGATTTGAAACATAGAGCGCCATGTCAAATTAATTTCC
ACCATTACTATTAACATCTAATATTGATGTAATGAAAGAAGACAAATATAGATATTTACA
CAGTAGAATTCAAAGCTTTGCTTTTCCAAAATAAGTTTCCGTTTGATAATAACAATATGCC
ACAATTTGACTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGCATCAGTT
AGATCTGAGTGATCAAGAAGAAGAGGGAGACGATGGACAATCTCAGCGAACGTTTCAATG
TACTGCAAGAGAACCTAATGGACATTTATGAGTCAGGTCAAGAAGATATAGAGACTCAA
TAAACACTGGCAATTATTAAGACAGGAACAAGTACTGTTTTACTATGCCAGAAAAAATG
GAGTGATGCGTGTAGGTTATCAACCTGTGCCTCCTTTAGCCACCAGTGAGGCTAAAGCAA
AGGATGCTATTGGCATGGTTTTGTTATTGCAGAGCTTGCAAAAATCACCGTATGGCAAAG
AGCCATGGACGCTAACACAACTAGTTTGGAGACTGTGCGAAGTCCACCCGCAAAGTGT
TTAAAAAGGGTCCCTCAAACATTGAAGTTATGTTTGACAATGACCCTGAAAATCTTATGT
CATATACAGTGTGGTCATTTATTTATTACCAAAATTTAGATGACACCTGGAATAAAGTTG
AGGGCCGTGTTGACTATCATGGTGCATATTATATGGAAGGCTCTCTAAAAGTGTTATATA
TTCAATTTGAAGTGGATGCTGCCAGGTTTGCCAAAACCTGGACGTTGGGAAGTGCATGTTA
ATGAGGACATATCTTTGCTCCTGTACTAGCTCTTCGCCGGCAGCTGGAGAAGGGACCG
ACGCGTCCCCCATCAACGCCGCATCCCGGTGCTACCAGCAAGGGGACTCTTGCCACCT
CCGTGTCCACCCGAACCACACAACGGACATCACCACGGCGATACAGGCGGAAAGCGTCTA
GCCCTACAGCCACCACCACCCGGCACAAAAGACAAGACATCAGACGATCAAGGTCCACCT
CACGGGGGAGACAAGCAATCTCCAGGGGAGGGGAGCGACGCCAGCGGAGACGAGAACGCT
CCTACTCCCGAGACTCCTCAAGATCCCCAACAGGGGAAGGGGAGGGAGCAGTGGGGGGC

CCACAACACGGTCCCAGTCGCGGTCCCTCTCCCGATCCCGATCGCGGTCACGATCGCGAT
CCAGAGGGTCTTCTGCCGGGGGTGGCGTTGCGCCTGAGCAAGTGGGAAAATCAGTTCGAT
CAGTTGGTAGAAAACCTGGTGGGCGACTTACAAGATTATTGGAAGAAGCTAGGGATCCCC
CAGTAATTTTGTGTCGCGGGCGAAGCTAACAACTGAAATGCTTTCGATATAGAGCAAAAA
AGCGATATGGCAGTTTAGTTAAATATTACAGCACTACATGGTCATGGGTGGGTGCAAATA
CTAATGACAGAATAGGTAGATCAAGAATGTTACTAGCATTTAACACATATGATGAAAGAG
AATTGTTTATCCAAAAAATGAAGCTACCACCAGGTGTTGATTGGTCACTAGGACATCTAG
ATGATTTATAGGCATTACTTTTTTTAAACATTACTAACCTTGCTAAAGCTTGCTTTTGCTAC
TAACACTTTTTTAACGTTCCCATGGCTCGCTCAAGACGCATAAAGCGTGCCCTCTGTAAC TG
ACATCTACAGGGGTTGCAAGCAGGCTGGTACTTGCCCCCCTGATGTTATTAATAAAGTGG
AACAGACTACAATAGCAGATAAAATTTTAAAAATATGGTAGTTCTGGTGTTTTTTTTGGTG
GGCTGGGCATTAGCACAGGTCGTGGCACGGGTGGGGCAACAGGTTATTTCCCTTTGGGTG
AAGGGCCTGGGGTACGCGTAGGTGGCGCCCCCACTATAGTTCGCCCTGGGGTCATACCTG
AACTCATTGGCCCAGCGGATGTAATACCTATTGATACAGTCACTCCAATGACCCCGCAG
CACCTAGTATTGTTACAATCACAGACAGCAGTGCTGTTGACCTATTACCCACTGAATTGG
AAACCATTGCAGAAATACATCCTGTGCCTACAGATAATTTAGATATTGACACTCCTGTTG
TTTCAGGAGGCAGGGATTCCAGTGCTGTTTTAGAGGTTGCTGATCCTAGTCCCCCTGTAA
GAACAAGGGTGTCTCGAACACAGTATCACAACCCATCATTTCAAGTAATTACTGAATCTA
CACCTTTATCTGGAGAATCAGCTATGGCGGATCATGTTTTAGTGTTTGAAGGTTTTGGTG
GACAAAACATAGCGAGGTTCCAGGATGCAAGCCATTGATACAGCACAGGAGAGCTTTGAAA
TGCAATCCTGGGCTAGCAGATATAGCTTTGAATTAGAAGAAGGCACACCTCCTAGAACAA
GTACTCCAGTTC AACGTGCAGTAGAATCACTATCAAGCTTAAGAAGAGCTTTATACAATA
GACGATTGACTGAACAAGTTGCAGTGACAGATCCACTTTTTTTTAAGTAGGCCTTACGCT
TGGTCCAATTTTCAGTTCGATAATCCTGCCTTTGAGGAAGAAGTTACACAGCTGTTTGAAA
GAGATATTGAAGCAGTGGAGGAACCTCCTGATAGACAGTTTTTTAGATGTTGTGCGCCTAG
GAAGGCCTACATATTCTGAAACACCTCAGGGTTATTTACGAGTCAGTAGACTAGGTAGAA
GAGCCAGCATTCGTACTCGCAGTGGAGCACAAAGTAGGAGCTCAGGTACATTTTTATAGAG
ATGTTAGCACCATCGATTAGATGCCTTAGAAATGCAGTTATTGGGGGAACATTCCTGGTG
ACACTACCATAGTTTCAGGGTCCTGTAGAAAGTTCCTTTGTAGACATTAATATTGATGAAC
CAGGGCCTTTGAATGTAGGCATCCAAGAATCACCCTGGCTGACACTATAGAAGAAGATT
TCAATTCTGCAGATTTGTTACTGGAAGATGCTGTAGATGACTTTAGTGGGTCTCAGCTGG
TATTTGGCAATCCTCGCCGCAGCACAAACATCTGTAACGTGCCCCGGTTTGAAACACCTA
GGGACACTGGCTTTTACATACATGACACTCAGGGATACACAGTAGCATATCCAGAGTCAC
GTGACACCCTGAAATAATTCTTCCACATCCTGATACACCAACTGTAGTAATTAAATTTG
CAGAAGCAGGAGGCAGATTTTTTATTTACACCCTAGTTTTAAAGAAACGAAAAAGAAAACGA
AAATATTTGTAATTGTTTTGCAGATGACATTGTGGCTGCCAACGACCGGTAAAGTATACT
TGCCTCCAACACCACAGTAGCCCCGAGTACAAAGCACGGATGAGTATGTGGAAAGAACAA
ATATTTTTTTACCATGCTATGAGTGATCGTCTCCTAACTGTGGGACACCCATTTTATGATG
TAAGATCTACTGATGGATTAAGAATAGAAGTCCCTAAAGTTTCTGGAAATCAGTATAGAG
CCTTCAGAGTCACATTACCAGATCCTAATAAGTTTGCCTTGGCAGATATGTCAGTTTACA
ATCCTGAAAAAGGAAAGATTAGTTTGGGCATGTGCAGGCCTTGAGATAGGACGAGGACAGC
CATTAGGTGTAGGCACTACAGGACATCCCTTGTTTAATAAGTTAAGAGACACTGAAAATA
ACAGTAGCTATCAAGGTGGATCTACTGATGATAGACAAAACACGTCATTTGACCCTAAAC
AAGTGCAGATGTTTGTGTAGGCTGTGTACCTTGTATTGGAGAACATTGGGACAGGGCTC
CTGTATGTGAAAATGAACAAAACAATCAAACAGGCCTGTGTCCACCATTGGAATTAAAAA
ACACTGTTATCGAAGATGGTGACATGGTTGACATAGGCTTTGGAAACATTAATAACAAAG
TGCTTTCATTTAATAAATCAGATGTAAGTTTAGATATAGTTAATGAAACATGCAAATATC
CTGATTTTTTAAAGCATGGCAAATGATGTTTATGGTGATGCATGTTTCTTTTTCGCCAGAC
GAGAGCAGTGCTATGCTAGGCATTATTTTGTGAGGGGAGGTAATGTAGGTGATGCTGTTT
CAGATGGTTCTGTAAATCAGGATCACAAATTTTATTTACCAGCTCAAACCTGGCCAACAAC
AGCGCACTTTGGGTAATTCCACTTATTTTCCAACGTGAAGTGGTTCTTTAGTAACATCTG
ATGCCCAGCTTTTTTAATAGACCATTCTGGTTACGTAGAGCACAAAGGACACAATAATGGTA
TTTTATGGGGGAATCAGATATTTGTGACTGTAGCTGACAACACTAGGAACACAAATTTTT
CTATTAGCGTGTCTACAGAAGCTGGGGCTGTTACAGAATATAATTCTCAAAATATCAGAG
AGTATTTAAGACATGTAGAAGAGTATCAGCTATCTTTTATTTTACAATTATGTAAAATAC

CTTTAAAAGCTGAAGTTTTAACTCAAATTAATGCAATGAACTCAGGAATTCTGGAAGACT
GGCAGTTAGGATTTGTGCCTACACCAGATAACCCAGTGCATGATATATATAGGTACATTA
ATTCTAAAGCCACAAAATGTCTGATGCAGTTGTAGAGAAAGAAAAAGAAGACCCTTTTG
CAAAGTATACATTTTGGGAATGTAAATCTTACTGAGAAATTATCATTAGATTTAGATCAGT
ATCCCCTAGGACGAAAATTTATTTTTCAGTCAGGTTTGCAGGCAAGGCCCAGAACTATTC
GGACCTCTGTAAAAGTGCCCAAGGGTATTAACGCAAACGTTTCATGACCGCTTTCGGTCT
CTCAATAAACAAAATAAACCAAAATGGTATGTGAAGTATTTTTTACCATGTTTCGTGACTAA
ACCGTCTTTCGTCAACGCCAGAAACCGCACCCGGTTAATCAGATTATAAAATGCACCTGGTG
CGATTTTATCACTGCTTTTGTGGAAGCACCGCAGGCGCCCGCCGAAA
>gi|396924|emb|X74468.1|_Human_papillomavirus_type_15_genomic_DNA
CAAGTAACTTGGCAGAACATTTTCTTGGAAAGACAGCACCGATAACGGTAAGATTATATCT
TTGAACCGTAGGCGGTTCTTTCTGATTGGTTTGGCTGATAGTAGTTAACAACAATCACTC
TTTATAAATATATGTAACCGCTGCGTTACTTTATTTAATCTACATACAATATGCTGAGT
AAACTATTTAGAGAGCTATATGGATAGGCCAAAGCCTTTTCTGTGCAGCAGCTTGCAGA
CACTCTGTGTATACCTTTAGTAGATATATTATTCCTTGTAGATTTTGTGAGAGATTTT
AACATATATAGAATTAGTAAGTTTGAATCGTAAAGGTCTGCAGTTAATTGGACTGAGGA
AGATTTTGTTTTGCCTGTTGTTCTAGTTGTGCATTTGCTACAGCGCAGTTGAATTTTC
TAACTTTTATGAACAGTCGGTGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGT
TGGAGATATTATTATTCGCTGCAAATTTTGTCTGAAGAAATTAGATTTAATTGAAAAGTT
AGATATTTGTTACAAAGAGGAGCAATTCACAAGGTTAGACGCAATTGGAAAGGATTGTG
TAGACATTTGTAGGGCGATAGAATGATTGGGAAAGAAGCTACTATACCAGATATAGTGCTT
GAGCTGCAAGAGCTTGTCCAGCCCACTGACCTGCATTGCTACGAAGAGTTAAGTGAAGAA
GAGACAGAGGAGGAGCCACGATTTATTCCTTACAAGATTGTAGTTCCGTGTTGCTTTTGT
GATTCCAAGCTTCGACTTATAGTGGTTGCAACTCCATTTGGAATTCGCTCACAACAAGAC
TTATTATTGGAAGAAGTTAAGTTGGTGTGTCCAGGGTGTGAGAGAAAGCTTCGCCATGTC
TGATGACAAAAGGTACATATGATCCTAAAGAAGGCTGTAGTGATTGGTTTGTCTAGAAGC
AGAATGCTCTGATGCTAGTTTAGATGGTGATTGGAAAAGTTATTTGAAGAAGGTACAGA
TACTGACATTTCTGACTTAATAGATAATGAGGACACTGTACAGGGGAACTCCCGCGAATT
ATTATGCCAGCAAGAAAGTGAGGAAAGCGAGCAACAATACTACTGGCTAAAACGAAAGTA
TATCAGTTCACAAGAGGTTTTGCAGCTTAGCCCTCGCCTGCAGTGTATATCTATTTCCGC
ACAGCATAAGTCTAAAAGGAGATTATTTGAACAAGACAGCGGACTAGAACTATCATTTAA
TGAAGCTCAAGATTTTACTCAGCAGACTTTGGAGGTACCGGCGACCGATGTTGTGCCGCA
GGGTGCCAAGGGACTGGGCATTGTTAAAGATCTTCTTAAATGTAACAATGTGAAAGCAAT
GTTATTAGCTAAATTTAAAGAAGCGTTTGGAGTGGGGTTTATGGAATTAAGTAGACAATA
TAAAAGCAGCAAAACATGCTGTAGAGACTGGGTACTGACTGTTTATGCTGTACAAGATGA
GCTGTTAGAAAAGTTCTAAACAATTGTTGATTCAACACTGTGCATATATTTGGTTACATCA
AATACCCCTATGTGCTTATATTTATTGTGCTTTAATGTTGGTAAAAGTAGAGAAACAGT
ATTAAGATTACTTACGAATTTGTTACAAGTATCTGAAATACAAATAATAGCAGAACCACC
AAAGCTTCGAAGTACACTGTCAGCATTATTTTGGTATAAAGGAAGTATGAATCCAAATGT
TTATGCTCATGGAGAATATCCTGAGTGGATAATGACACAAACAATGATAAATCACCAAAC
AGCAGAAGCTACACAGTTTGAATTTATCTACTATGGTACAATATGCATATGATAATGAATT
GTCAGAAGAAGCAGAAATTGCTTGGCATTATGCAAAATTAGCAGATACAGATGCAAACGC
GAGAGCATTTTACAGCATAACAGTCAGGCAAGACTTGTCAAAGACTGTGCAATAATGGT
TAGACACTATAGACGGGGAGAAATGAAAGAAATGTCTATGTCATCATGGATACATAAAAA
GTTATTGGTTGTTGAAGGAGAAGGACATTGGTCAGATATTGTAAAGTTTGTGAGATACCA
AGATATAAAATTTTATACAATTTTATAGATTCATTTAAAAGCTTTTACATAATACTCCTAA
AAAAAGTTGTATGTTAATATATGGTCCACCTGACACAGGAAAATCCATGTTTACTATGTC
ATTAATAAAAGTCTTAAAGGGTAAAGTTTGTGTCATTTGCAAATTATAAAAGTACATTTTG
GCTTCAACCTGTGGCAGATACAAAATAGCTTTAATAGATGATGTAACCTTATGTTTGTG
GGATTATATAGATCAATATTTAAGAAATGCATTTGGACGGTGGTGTGTTTGTGTTTAGATAT
GAAACACAGGCGCCATGTCAAATAAGGTTTCCACCATTAATGCTAACTTCTAACATTGA
TATCATGAAAGAAGAAAGGTATAAATATTTACGCAGTAGAGTGCAAGCTTTTGCATTTCC
ACATAAGTTTCCTTTTGATAGTGATAATAATCCACAATTTAAACTTACTGACCAAAGCTG
GAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGAGACAGTTAGAGCTCAGTGATCAAGAAGACGAGGG
AGACGATGGATACTCTCAGCGAACGTTTCAATGCACTACAAGAGAATCTAATGGACATTT

ATGAGTCAGGTCGAGACGACATAGAACTCAAATATTGCACTGGCAATATTTGAGGCAAG
AACAAGTATTATTCTATTTTGGCAGGAAACATGGAGTTATGCGTTTAGATATCAGCCTGT
ACCCCTTTAGCCACCAGTGAGACCAAAGCGAAAGATGCTATTGGTATGGTGATTCTGTT
ACAAAGTTTGCAGAAGTCAGCATATGGCAAGGAGCCATGGACACTAACACAGACTAGTTT
GGAGACTGTGAGAAGTGCACCTGCAAACCTGCTTTAAAAAAGGGCCACAGAATATTGAAGT
TATGTTTGATAAGGATCCTGAAAACATTATGGTATACACTGTTTGGACATACATTTATTA
CCAGACTTTAGATGACACATGGAACAAGGTGGAAGGAAAAATTGACTATCATGGCGCATA
TTATTTGGAAGGAACCTCTTAAAGTTTATTACATACAGTTTGAAGTTGATGCAGCCAGGTT
TGGCAAACTGGAATCTGGGAGGTGCATGTTAATGAGGACACTATCTTTGCTCCTGTTAC
TAGCTCTTCGCCGGCAGCTGGAGAAGGGGCAACCTCCATCGACTCCGCACCCGAATCGCC
GGCCAACAGACAGCTTTCTTCCACCTCCGTGTCTCCAGAAAACGGACACCACCACGAAC
CGAAGCCAGACGCTACAACCGAAAAGAATCTAGCCCTACAACCACCACCACCCGGAGGCA
GAAAAGACAAGGACAAAGACAAGAAGACACAGCAAGGCGATCAAGGTCCACCTCAAGGGG
GAGACAAGAAATCTCCAGGGGAGGGGAACCAGCGCCGACGGCGACGATCCCGAGAAACCTC
CATCTCCCCCGCTGGGGAAGGGGAGGGAGAGTAGAAGGGGGCCACAACAAGGTCCCA
ATCGAAGTCCCTCTCACGATCCCGATCCCGATCCAAGTCGAGATCACGAGGGTCTTCTCC
ACGGGGTGGCATCTCGCCTGCAGACGTGGGAAGCTCAGTTCGATCACTTGGTAGAAAACA
TACTGGGCGACTTGAAAAGATTACTGGAAGAGGCTAGGGACCCCCAGTAATCTTGCTGCG
CGGTGATGCTAACAAATTAATAAGCTTTTCGCTTTAGGGCAAAGAAAAAGTATCAGGATTT
AGTAAATACTATGACACCAGCTGGTCTCTGGGTAGGGGTACAAGTAATGATAGAATTGG
ACGCTCACGATTGTTACTGGCATTCTCTTCCAACACCGAAAGAGAGCTCTTTATCAAAT
AATGAAACTGCCACCAGGCGTTGATTGGTTCGCTAGGATATTTAGATGATTTATGATTTTT
GTGCTTTTTTAATCAACTAACAGTAGTGTTTTTTTTTATTGCTTTTGCTACTAACACTATACT
AACATTCCCATGGCCCGTGCACGCAGAGTAAAACGTGCATCTGTAAGTACATTTACAGG
GGGTGCAACAAGCAGGTACCTGCCCCCTGATGTTCTTAATAAAGTGGAACAAACAAC
ATTGCAGATAAAATTTTGAATATGGAAGTGCTGCTGTATTTTTTTGGTGGGCTGGGAATT
GGTACAGGCCGTGGTTCAGGTGGTGCTACAGGTTATGTTCTTTGGGAGAAGGCCCTGGT
GTGCGCGTAGGAGGCACCCCTACCATTGTTTCGCCCTGGGGTCACACCTGAACCTATTGGT
CCAGCGGATGTAATACCAATTGATACAGTCACACCAATTGACCCCGCAGCACCTAGTATT
GTCACAATAACTGACAGCAGCGCTGTTGACCTTTTACCTGAATTGGAGACAATTGCAGAA
ATACATCCTGTACCAACAGATAATGTAGATATTGATACTCCTGTTGTTACAGGAGGTCGG
GATTCCAGCGCTATTTTAGAAGTTGCTGATCCAGTCCTCCTGTACGAACAAGAGTGTCT
CGCACACAATATCATAACCCATCATTTCAAATTATTACTGAGTCTACACCTTTGTCTGGC
GAATCTGCACTAGCAGATCACGTTATTGTTTTTGAAGGTAGTGGAGGTCAAATATAGGC
GGTTCTCGCAGTGCTGCTTTGGATGCAGCACAGGAAAGTTTTTGAATGCAAACATGGCCT
AGTAGATACAGTTTTTGAATACAAGAAGGTACACCACCAAGATCTAGCACTCCTGTTCAA
AGAGCAGTACAATCCCTTTCTAGTCTTAGAAGGGCTTTATATAACAGACGGCTGACTGAA
CAAGTAGCTGTAACAGACCCTTTATTCTTTGGGACGACCCTCACGCTTGGTGCAATTTCAA
TTTGACAATCCAACATTTGAAGAAGAAGTAACACAACTTTTGAAAGAGATGTTGAAGCA
TTTGAAAGAGCCTCCAGATAGGCAATTTCTAGATGTAGTTCGCCTAGGAAGGCCTACTTAT
TCTGAAACACCACAAGGTTATGTGCGTGTAAGTAGACTTGGTAGACGGGCCACAATTAGA
ACCAGAAGTGGTGCACAAGTTGGTGCTCAAGTACATTTCTATAGGGATTTAAGTACAATT
GATTCTGAAGCATTAGAAATGCAATTACTAGGAGAACATTCAGGTGATAGTACCATTGTT
CAGGCTCCTATGGAAAGTTCATTTATAGATATAAATATTGATGAGCCTGATTCATTACAT
GTGGGCCTACAGGACAGTACTGAAGCAGATGACATTGATTACAATTCTGCTGATCTTCTT
TTAGAAGATAATATAGAAGATTTTAGTGGTCTCATTTGGTGTTTGGCAATACACGGCGC
AGCACTACAACATATACAGTACCTAGATTTGAATCACCTAGAAATACTGGGTTTTACATA
CAAGATGTGCATGGGTATAATGTAGCCTATCCGGAGTCCCGTGATACTACCGAAATAATA
TTACCACAATCTGACACGCAACTGTAGTTATAAATTTTGAAGAGGCAGGTGGAGACTAT
TATTTACATCCAAGCTTAAAAACACGTAACGAAAACGCAAATATTTGTAATTGTTTTAC
AGATGACATTTGGCTACCGACGACGGGTAAAGTATATTTGCCACCAACACCCTGTAG
CACGTGTACAAAGCACCGATGAATATGTGGAGAGAACTAATGTATTTTACCATGCAATGA
GTGACCGTCTGTTAACAGTAGGGCATCCCTACTTTGATGTTAGATCTGTTAATGGAGGTA
GCATAGAAGTTCCTAAAGTGTCTGGAAATCAATATAGAGCATTTAGGGTTACTTTTCCAG
ATCCTAATAGATTTGCATTAGCAGACATGTCTGTCTATAATCCAGAAAAAGAAAGGTTGG

TTTGGGCCTGTGTAGGCCTTGAAATAGGTAGAGGACAACCATTAGGAGTTGGTACTTCAG
GCCATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAACAGTAATTATCAAGGCAACT
CTACTGATGACAGGCAAAATACATCTTTTGACCCAAAGCAGGTTCAAATGTTTGTAGTAG
GCTGTGTTCCATGTTTTAGGCGAACACTGGGATAGAGCTCTTGTTTGTGAATCAGAGAGAA
ATAATCAGGCGGGAAAATGTCCTCCTTTGGAACCTAAAAATACAGTTATTGAAGATGGCG
ACATGTTTGATATAGGTTTTGGTAACATTAATAACAAGGCCTTATCAGTTACTAAGTCAG
ATGTGAGTCTGGATATAGTGAATGAAACTTGCAAATATCCAGATTTTTTAAGTATGGCAA
ATGATGTGTATGGAGACGCTTGTTTTTTTTTTTGCAAGACGAGAACAGTGCTATGCTAGAC
ATTACTTTGTGTCAGAGGAGGTGCAGTAGGTGATGCTCTTCCTGATGCAGCTGTCAATCAAG
ATCATAATTTTTATTACCAGCACAAATCAACCCAACAACAAAATAACTTAGCAAATTCTA
CTTACTTTCCACAGTTAGTGGTCTTTAGTGACATCTGATGCTCAGCTGTTTAATAGAC
CGTTTTGGTTAAGAAGAGCTCAAGGGCATAACAATGGCATACTTTGGGGTAATCAGATGT
TTATTACTGTTGCAGATAACACAAGGAATACAAATTTTACTATTAGTGTTACCTCTGATG
GTAATGCCATAAATGAATATAATTCACAAAATATCAGAGAATTTTTAAGACATGTGGAAG
AATATCAGTTATCTATTATTTTGCAATTGTGTAAAATACCTTTAAAAGCTGAGGTATTAA
CACAAATTAATGCTATGAATTCAGGTATTTAGAAAGACTGGCAACTAGGGTTTGTTCCTA
CACCAGACAACGCTGTACAAGATATTTATAGATATATTGACTCTAAGGCAACTAAATGTC
CTGATGCTGTACAACCAAGGACAAAGAAGACCCATTTGGAAAGTATACATTTTGGAATG
TAGATTTAACAGAAAAGTTATCTTTAGATTTGGATCAATATCCTTTGGGAAGAAAATTTA
TATTTCAAGCAGGTTTGCAACGTCGCCCCAGAACTATTAATCCTCTGTAAAAGTTTCTA
AAGGTACTAAACGCAACGTACATGACCGATTTTCGGTCGCTAATAAAACAAGTAAACCAAT
AAGGTATGTGAAGTATTTTTTACCATGTTTCGTGACTAAACCGCATAGGTCATTGCCAACA
ACCGCACCCGGTTAATCAGATATAAAAATGCACCTGGTGCGATTTTATCACCGCTTTTGTG
GAAGCACCCGAGGCGCCCGCCAGAAGTCTGCTGC

>gi|396918|emb|X74467.1|_Human_papillomavirus_type_14D_genomic_DNA

AACGGTAAGTTATTTCTGCACCGGGTGCGGTCACTGTATTACTCACTATGTGGTTGTTGTT
GCCAACTACCATTGCTGATAGCATGTTTTTGCCGTGAACGTTATCGACACATACATATCT
ATGTACTACAGAAAAAAC
AGAGAATGCAGACTCATGGCGACAACCTGACTCTTCAACAGACAGTGCAGATGAAGGTCCT
TCTCCTAAGAGTAACATTTGTGATAGCACAGAAACCAATCTTCTTTTATAGAGCCACCA
TTACCTGCAACTATATTTGGCTTAGCAAACCTATTGGAAATACCACTAGATGATTGTTTA
GTACCTTGTAACTTTTGTGGTAATTTTTTGACTCATTTAGAAGTCTGTGAATTTGATGAG
AAAAAATAAGTCTAATTTGGAAAGGTCATTGTGTATTTGCTTGTTGCCGTGTATGCTGC
ACAGCAACAGCAACGTATGAGTTTAATGAATTTTATGAGAGTACTGTTGAAGGCAGAGAA
ATAGAGAGTGTAACAGGCAAATCTATTTTTGATGTTGATGTCAGGTGCTATACCTGCATG
AAATTTTTAGATTCAATTGAAAAGCTTCGCATCTTTATAACTGCTACAGAAATTTGCTCTT
AGAACCTTCCAGAACCTGTTATTTGAACAACCTGCAGCTGTTGTGTCTTGAGTGCCGTGGG
AACTGCAAAACATGGCGGATCCTAAAGGTAGTACATCTAAAGACGGGTTGGATGATTGGTG
TATTGTGGAAGCTGAATGTAGCGATATAGAAAATGATTTGGAAGAATTATTTGACAGAGA
TACAGACTCAGATATTTTCAAGATTATTAGATGATAATGATGACTTGGACCAGGGAAATTC
TCGGGAACCTATTTTATCAACAAGAGAGTAAGGAAAGCGAGGAGCACTTGCAAAAACATAA
ACGAAAGTACTTGAGTCCTCAAGCTATCGCACAGCTTAGTCCGCGACTTGAAAGTATAAC
ATTGTCACCTCAGCAGAAGTCTAAACGAAGGCTCTTTGCAGAGCAGGACAGCGGGTTGGA
GTTAACTCTTACAAATGAAGCTGAAGATGTTTCTTCTGAGGTGGAGGTACCGGCTCTAGA
CTCTCAGCCGGTTGCTGAGGCACAAATAGGAACAGTAGACATTTCATTATACAGAATTATT
ACGTGCCAGCAACAATAAGGCAATTCTTATGGCAAAATTTAAGGAGGCTTTTGGGGTAGG
CTTTAATGATTTGACACGTCAGTTTAAAAGTTACAAAACCTGCTGTAATCATTTGGGTTCT
GTCTGTATATGCAGTGATGATGATCTTCTTGAAAGCTCAAAGAAGTTATTGCAACAGCA
TTGTGATTATGTATGGATACGTGGGATAGCTGCTATGTCATTATTTTTATTGTGTTTCAA
AGTGGGAAAAAATCGTGGGACAGTACATAAATTAATGACCTCAATGTTAAATGTGCATGA
AAAGCAAATATTGTCTGAGCCTCCAAAGCTACGAAATGTTGCTGCTGCATTGTTCTGGTA
TAAAGGTGCAATGGGGTCAGGGACATTTACTTATGGTCCCTACCCTGATTGGATGGCACA
TCAAACTATTGTTGGCCATCAAAGTACAGAAGCAAATGCATTTGATATGTCTGTTATGGT
GCAGTGGGCATTTGATAACAATTATTTAGATGAAGCTGATATAGCCTATCAATATGCTAA
GTTAGCACCCAGAAGATAGTAATGCTGTGGCCTGGCTTGCCCATATAAATCAGGCCAGGTT

TGTTAGAGAATGTGCATCTATGGTTAGATTTTATAAAAAAGGTCAAATGAAAGAAATGTC
TATGTCAGAATGGATACATACTAGAATAACTGAAGTAGAAGGAGAAGGTCATTGGTCAAC
AATAGCAAAATTTCTTAGATATCAACAAGTAAACTTTATAATGTTTTTAGCTGCTTTGAA
AGATATGCTACATTTCAGTTCCCAAACGTAATTGTATATTAATATATGGTCCTCCAAATAC
TGGGAAGTCAGCATTTTACCATGTCTTTAATTCGTGTGTTAAGAGGAAGGGTGCTTTTCATT
TGTTAATTCTAAAAGCCAATTTTGGCTGCAACCAATGTCAGAGTGTAAGTAGCTTTAAT
TGATGATGTCACAGATCCATGTTGGTTGTATATGGACACTTATTTGAGGAATGGCCTTGA
TGGTCATTATGTTTCTTTAGATTGCAAAACATAAAGCACCGATACAAACTAAATTTTCCTGC
ACTATTACTTACATCTAATATTAATGTACACAATGAAATAACGTATAGATATTTGCATAG
TAGAATTAAGGGATTTGAATTTCCAAATCCATTTCCAATGAAAGCAGACAATACACCTGA
ATTTGAACTCACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTCTTTACAAGGCTTTGGAATCAATTAGA
GCTGAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGACAATGGAGAATCTCAGCGACCGTTTCAATGCTC
TGCAAGATCAGCTAATGAACATTTATGAGACTGCAGCAAACACACTTGAGTCGCAAATTG
AGCATTGGCAAACCTCTCGAAAAGAAGCTGTGCTACTATATTTTGCTAGGCAAAATGGTG
TGACACGACTTGGATACCAAGTTGTGCCTACATTAGCCATTTCAGAAGCAAAAGCCAAGC
AGGCCATAGGGATGGTGCTGCAGTTGCAATCACTGCAAAAGTCTCAGTTTGGCAGTGAAC
CATGGTCACTGGTTGATACCAAGTGGAGAAACATTTAGAAGTGCTCCAGAAAATCATTTC
AAAAGGGTCCAGTATCAGTAGAGGTGATTTATGATAACGATAAAGACAATGCAAATGCTT
ATACATGTGTGAAGCACATATATTACCAGGATGATGACGAACAGTGGCATAAAAGTGCAA
GCGGGGTCAACCACACAGGCATATATTATATGCAAGGAACCTTTAGAAACTACTATGTTT
TGTTTTGCTGATGCAACTAGATATATGATAAACTGGACATTGGGAAGTTAAAGTTAATA
AGGAAACTGTGTTTACTCCTGTCAACAGCTCCACCCCTCCCGAGTCACCAGGAGGACAAG
CAGACTCAAACACCTCCTCCAAGACCCCCACCACCGCCACTGACTCCACGTCCAGACTCT
CGCCCCGAGATTCAGAAAAACAGTCACAACAAGCCAACACCAAAGGAAGAAGGTACGGAC
GCAGACCGTCCAGTAGGACCCGCGCAACGACCGAAACGCGGCAGAGGCGGAGATCGAGGT
CCAAGTCCAGGTCGCGGTGCGAGGTGCGGGTCTCGGCTCCGATCTAGATCCCGGTGCGAAT
CGTCTGAGCGGCGGTCTCGGTACCGATCAAGATCCAGATCCAGACAAAAAGAAGTGTTCA
GAATCACAACCACCACCAGAGGGAGAGGTGCGAGGTGTCCTCCACCTCCTCCAAACGGT
CACAACGGGCACGAGGAAGGGGCCGTGGGGGGAGCAGGGGGAGACGGTCATCCTCCACCT
CCCCACCTCCTCCAAACGGTCACGACGAGAGTCAGAGTCTTCTAGGCAGCGTGGCATCT
CTCCTAGTGACGTGGGAAAGTCACTTCAATCAGTTAGTTCAAGAAATACAGGAAGACTTG
GAAGGTTACTGGACGAAGCTCTCGATCCCCAGTAATCTTAGTCAGGGGGGACCCTAACA
CGCTACGATGCTTTTCGCAATAGAGCTAAGCAAAAGTTTACAGGGCTTTACAGGGCCTTTA
GCACGGCTTGGTCGTGGGTGGCTGGAGATGGCACTGAGCGTCTAGGCAGGTCCAGAATGC
TCATTAGCTTTTTCTCCTTTAACAGAGAAGAGATTTTGATCAGACTGTTAAGTACCCGA
AAGGAGTGGACCGGTGCTTTGGCTCATTGATAGCCTATAACACCCCTAACATACTAACA
TAATAGCTTGCTACTAACATCTAATATTTATGATTTTTGCTTTTTGTTTGCATTATTT
TAATGCTATGGCGCGTGCTAGGCGAGTCAAGCGTGACTCTGCTACTAACATTTACAGAAC
CTGCAAGCAAGCAGGCACGTGTCTCCTGATGTCATTAATAAAGTTGAAAGCACAACTAT
TGCTGATAAAATTTTGAGTATGGTAGTGCTGGTGTTTTTTTTTGGGGGTTTGGGCATAAG
CACTGGAAAAGGTACAGGAGGTACCACAGGCTATGTGCCTTTGGGAGAGGGCCCAGCAGT
ACGTGTTGGTGGTGCGCCAACAATTATCAGACCTGCTCTGGTCCCAGACACCATTGGTCC
ATCAGATATTATACCTGTGGACACCTTAGATCCAGTGGAGCCTACGACCTCTTCTATTGT
TCCACTCACGGATTCACAGGACCAGACCTTTTGCCTGGCGAGGTGGAACTATTGCAGA
GGTGCATCCTGGCCCGTCTAGGCCTCCTACTGACACTCCTGTCAAACTAGTACAGGAGG
CTCCAGTGCTATATTAGAAGTAGCACCGGAACCTACTCCGCCCTCACGTGTTAGGGTGAC
CCGACACAATATCATAATCCCTCCTTTCAAGTAATTACCGAATCCACCCCTACCACAGG
TGAAAGTTCAATTAGCAGACAATATATTGGTTACCTCTGGTTCTGGGGGACAACTATTGG
AGGCGCTACACCTGAACCTTAGAAGTCAAGAGTTACCATCTAGATATTCAATTTGAAAT
CGAAGAACCAACACCCCTTAGAAGAACTAGTACCCATTACAAAGGATACAGACAGCTAT
AAGAAGGAGGGGTGGGCTTACAAATAGGCGCTTAGTCCAACAAGTTTCTGTAGAAAACCC
CTTATTTTTTAACAAGACCATCTAGACTAGTGCAATTTTCAGTTTGATAATCCAGCATTTGA
GGAGGAAGTAACACAAATATTTGAACAAGATATTGAAGATTTTAATGAGCCTCCAGACAG
AGATTTTCTAGATGTTCAAAGGCTGGGTAGGCCCAATATTACAGAACTCCAGCAGGGTA
TCTCCGAGTTAGTCGTCTTGGGCAAAGGCGGACTATACGCACTCGTTCTGGAGCACAAAT

TGGGTCTCAAGTTCATTTTTATAGAGATCTAAGTAGTATAAACACAGAAGATCCTATTGA
GCTTCAATTATTAGGTCAGCATTCTGGGGATGCTACTATTGTCCAAGGTCCAGTTGAAAG
CACATTTGTAGACATAAATGTAGATGAAAAATCCACTTTCTGAGGATTTTAGTGCACATTC
TGATGACTTGCTTTTAGATGAAGCTAATGAAGACTTTAGTGGCTCTCAATTAGTTGTGGG
TAATCGACGCTCAACATCTTCATATACCGTCCCTCGTTTTGAAACAACCAGATCTGGGTC
ATATTATGCACAGGATACAAAAGGTTATTATGTAGCTTATCCTGAGGATAGGGACATTAG
CATGGATATTATTTATCCTACCCCAGAGTTGCCTGTTGTCATTATTCACACATATGATAC
AAGTGGTGATTTTTACCTGCATCCTAGTCTTCACAAAAGACTCAAAAAGAAAACGAAAATA
TTTGTAACCTTTTTCTTTTACAGATGGCAGTTTGGCAAGCAGCTAGTGGTAAGGTTTACCT
TCCACCATCTACACCAGTTGCCAGGGTCCAAAGTACGGACGAATATGTGCAAAGGACTAA
CATCTATTATCATGCATACAGTGACAGATTATTAACCTGTTGGTCATCCATATTTCAATAT
ATATGACGTGCAAAGTGCTAAGATAAAAGTACCAAAGTATCTGGAAATCAACATAGGGT
TTTCAGACTAAAGTTGCCAGACCCTAATCGATTTGCATTAGCTGACATGTCTGTTTATAA
TCCAGATAAAAGAAAGACTGGTTTGGGCATGCAGAGGTATAGAAATAGGCAGAGGACAACC
TTTAGGTGTAGGTAGTGTAGGACATCCATTATTTAATAAGGTTGGTGATACAGAAAATCC
CAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGACAAAATGTGTCATTTGATCC
TAAGCAACTGCAAATGTTTATAATAGGCTGTGCACCTTGCATGGGGGAACATTGGGATAG
GGCCTTGCCATGTGTAGAAGATAAACCACCCCTGGTTCTTGCCCTCCAATTGAATTAAA
AAATACAGTGATTGAAGATGGTGACATGGCAGATATAGGCTATGGAAATTTAAATTTTAA
GGCATACAGAATAATAGATCTGATGTAGTTTGGATATAGTTAATGAAATTTGCAAATA
TCCAGACTTTCTGAAAATGCAAAATGATGTATATGGAGATTCCCTGCTTTTTTTATGCACG
CAGGGAACAATGTTATGCCAGACACTTTTTTGTAGAGGGGGTAAGACAGGAGATGACAT
ACCAGCAGCACAAAGTTGATGAGGGTAGCCTAAAGAATGTTTATTACATTCCACCAATGAC
AAATCAACCACAAAACAATATTGGCAATGCCATGTATTTCCCAACTGTCAGTGGCTCATT
GGTATCCAGTGATGCTCAACTGTTCAATAGACCATTTTGGTTACAGCGCGCACAAAGGCCA
CAATAATGGTATTTGTTGGTTTAAATCAGTTATTTGTTACTGTTGTGGACAACACACGTAA
CACAAATTTTAGTATATCAGTTAGTTCAGAAAACACTGAGGTATCCAAAATTGACAATTA
TACCTCTCAGAAATTTCAAGAATATTTAAGACATGTAGAAGAATATGAAATGTCTCTAAT
TTTACAACATATGTAAAATACCTTTAACAGCTGAAGTCTTAGCTCAAATTAATGCAATGAA
TTCTAATATTTTAGAGGAGTGGCAATTAGGATTTGTACCTGCACCAGACAATCCTATTCA
TGATACATACAGATATATTGAGTCTGCAGCGACTAGGTGTCCTGATAAAAAATCCTCCTAA
AGAAAGAGAAGATCCTTATAAAAACTTTAACTTTTGGAAATGTAGATTTAACAGAGAGACT
ATCTTTAGACCTAGATCAATATTCTCTTGGGAGAAAATTTTTATTTTCAGGCAGGTTTGCA
GCAATCGACCGTTAACGGTACAAAAACAGTTTCGACTAGGGGATCCATCAAGGGTATTAA
ACGAAAACGCAAGAATTAGACATTATCGATTTCCGGTGCAATAAAGTCAACTTTTACACAG
TATTCAAGGAATGTTTATTCACTCTGACTAAGCAAATATGAGCCGCGCCCGATACATAAA
GGTGCCAAATGAGGTGAGTTGTTTGCCAGAAGAGGTGAGAGCCAACTCAGGTTTGCGCCA
GATCAGATACAGCGCGAGCCGCGTTGGATCAAGCTACATCGTCTGAACACGCAAAAGACT
CAAGGAAATGTAAGTGTGCCAGTCTATTGTGTTTGAATTTGGCAAAAGTTGAAGACCGTT
>gi|396910|emb|x74466.1|_Human_papillomavirus_type_12_genomic_DNA
TTGTACCAGGTGCGGTACGATTTCCCAATAGCACATTATACTAGATTGTTGTTGCCAACT
ACCATCATCAGTTTCAAGTTTTTGCCTGTATCGTTTTTCGTATCATACTAATTCGTATAT
AATTAAATAAATAAATAAATATATATATATATATAATGTATAAGGCTTGTTCTTT
TGCAATGTGATTGGGACAAATGGCACAGCAGGCCGATCAGCAGACAGTGACAGACAGTAC
GCCTGAGCTGCCCACAACATATTAAGAGTTAGCTGACCTTTTAGATATACCTTTAGTTGA
CTGTTTGGTACCTTGCAATTTTTGCGGAAAGTTCTTAGATTTTCTGGAAGTGTGTGATTT
TGACAAAAAGCAGCTAACACTAATTTGGAAGGTCATTTTGTACTGCTTGCTGTGCAAG
TTGTTGCGCAGCTACTGCAATATATGAATTTAATGAATTTTATCAACAAACAGTGCTAGG
TAGAGATATAGAGCTTGCTACTGGAAAATCTATATTTGACTTAAAGATAAGGTGTCAGAC
GTGCTTTGTCAATTTTAGATACAATTTGAAAAGTTAGACAGCTGTGGTCGGGGCCTTCCGTT
CCACAAGGTTAGAGACAGGTGGAAGGGAATTTGCAGACAGTGCAAGCATTGTATCTGAA
TAATGATCGGTAAAGAGGTACCCGTGCAAGATTTTACCTTGGAGCTTAGTGAGCTGCAGC
CTGAAGTGTTACCAGTTGACCTGCTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAGCAGGAAACGG
AGGAGGAGTCAGATATCGACAGGACTGTATTCAAATCATTCACCGTGTGGCTGCAGCT
CCTGTGAGGTCAACCTTCGTATTTTTGTCAACGCAACTGATACTGGCATTAGGACCCTAC

AGGACCTGCTGATCAGTGACCTGCAGCTGCTGTGCCAGAGTGCCGTGGTAACTGCAAAC
ATGGCGGATTCTAAAGGTAGTACCTCTAAAGAAGGGTTAAGTGATTGGTGTATTTTGGAA
GCAGAATGTAGTGATTTAGAGAATGATTTTGAACAGTTATTTGAGCAAGATACAGACTCC
GATGTATCGGACTTGCTAGATAATGGTGAACCTTGAACAGGGGAATTCTCTGGAACATTTT
CATCAACAAGAGTGTGAGCAAAGCGAGGAGCAATTACAAATTCTAAAACGAAAGTATCTT
AGTCCAAAAGCTGTCGCGCAGCTTAGTCCGCGTCTCGAGTCGATATCGTTGTCACCTCAG
CAGAAATCGAAACGAAGGCTCTTTGCAGAGCAGGACAGCGGACTCGAGCTATCTCTAAAC
AATGAAGCTGAAGATGTTTCTCCTGAGGTGGAGGTACCGGCTATAGACTCTCGGCCGGTA
GATGAGGGAGGATCAGGGGCCATAGATATTGATTATCTGTCATTGCTGCGTAGTAGCAAT
ATTAAGCCACGTTAATGGCAAAATTCAAAAGAGTCATTTGGGGTAGGCTTTAATGAATTG
ACTCGCCAGTTTAAAAGTTACAAAACCTGTTGTAACGATTGGGTTTTAGCTGTGTATGCA
GTTTCATGATGATCTATTTGAAAGCTCAAAGCAGCTGTTGCAACAGCATTGTGACTATATC
TGGGTCCGTGGGATAGGAGCTATGACACTTTACCTATTGTGTTTTCAAAGCGGAAAAAAT
CGCGGTACTGTGCATAAGTTAATGACATCAATGCTAAATGTGCAAGAACAGCAGATTTTG
TCTGAGCCTCCTAAGTTAAGAAATACAGCTGCTGCATTGTTCTGGTACAAAGGTGGTATG
GGGTCAGGCGCATTTACCCATGGCACATATCCTGATTGGATTGCACATCAAACAATTTTG
GGCCATCAAATGCTGAAGCAAGCACATTTGATTTTTTCAGCCATGGTCCAATGGGCCTTC
GATAATAATTACTTAGAAGAACCAGATATAGCTTATCAATATGCCAAGCTTGCACCAGAA
GATAGCAATGTCAGTAGCTAGGCATGACATCAACAAGCTAAATTTGTAAGAGAGTGT
GCAGCAATGTCAGGTTTTTATAAAAAAGGACAAATGAAAGAAATGAGTATGTCAGAGTGG
ATACACACAAAAATTAATGAAGTAGAAGGTGAAGGGCATTGGTCAGATATAGTAAAATTT
TTAAGATATCAAGATGTAACTTTATTACCTTTTTTGGCAGCATTTAAAAACTTTTTGCAT
GCTGTACCAAAACACAATTGTATTCTTATATATGGGCCCTAACTCTGGAAAGTCATCA
TTTTGCAATGTCACCTGATAAAAGTTTTTAAAAGGTAGAGTGTTGTCATTTGTGAATTCCAAA
AGTCAATTTTGGTTACAACCTCTTGGAGAAAAGTAAAATTGCATTGTTGGATGATGTTACA
GACCTTGCTGGGTATATATAGACACATATTTAAGAAATGGCTTAGACGGCCATTTTGTT
TCTTTAGATTGTAAATATAAAGCGCCCGTACAAATTAAGTTTCCTCCATTGTTACTCACA
TCTAATATTAATGTTTCATGGAGAAACAAATTATAGATATTTACATAGTAGGATAAAGGGA
TTTGAATTTCCACATCCCTTTTCTATGAAACCAGACAATACACCTCAGTTTCAGTTAACT
GACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTTGAAGGCTTTGGACACAATTAGACCTGAGTGACCAA
GAAGAGGAGGGCCAACATGGAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGTTCTGCAAGATCAGCT
AATGAACATATATGAAGCTGCAGAACATACACTTGAGACACAGATTGCCCATTTGGACACT
TTTGCGAAGAGAAGCTGTTTTTGCTTTATTATGCTAGGCCAAAAGGGTATTACAAGGCTTGG
ATACCAACCGGTGCCTACATTGGCAGTTTCTGAAGCAAAGCAAAGAGGCTATAGGGAT
AATGCTGCAATTGCAATCTCTACAGAAGTCTGAGTATGCTTCGGAGAAGTGGACATTAGT
GGACACAAGTGCAGAAACGTATAACAATGTTCCAGAACATCACTTTAAAAAGGGTCCAGT
GCCTGTGGAGGTCAATTTATGATAAGGAGCCAGAAAATGCAAATGTGTATACAATGTGGAA
GTATGTGTATTATATGGACCCAGAGGATGTATGGCATAAAACCACAAGTGGTGTAATCA
GACGGGCATTTACTATTTACATGGAGACTTTAAACACTATTATGTACTTTTTTGCTGATGG
TGCACGAATGTATAGTAAACTGGACAATGGGAAGTTAAGGTAAATAAGGAACTGTGTT
TGCTCCTGTCAACAGCTCCACACCACCCGGGTCACCAGGACAAAGAGACCCAGACGCCAC
CAGCAAGACCCCCGCCACCTCCTCCGACTCCACGACCAGATCCAGTGACAAACAGTCACA
ACAAGCCGACCCAGGAGGAAAGGATACGGACGACGACCATCTAGCAGAAACAAGGCGACA
GGAAACGCAGCAAAGGCGATCAAGGTCGCGATACCGCTCCAGTCTAACTCCCGGTCGCG
CTCCAGTCCCAAACCAGGGCCCTTGGCGCCACCTCCGTATCCAGGTCTCCAGGTCCCC
GTCGGTCACACAGATTAGGAACCGGAGGTGCGGATCGCAATCCAGAGGAAGGGGGGTGCG
AGGGTCATCCACCGACACCACTAAGCGGCGGAGATCCAGATCATCTCCTCCAACAC
CAGAAAACGGTCACAACGGGGAGAAAGAGGACGGGGAGAAAGGGGCGGTAGGGGGAAGCG
ACGAGACCGGATCATCTCCACCTCCCCACCCCAAACGATCCCGAGCAGGGTCTAGGTC
TAGCAGGCAACGTGGCGTGTCTCCTGAGCAAGTGGGAAGATCTCTTCAATCTGTTAGTTC
AAAACATAGAGGACGACTTGGGAGATTATTGGAAGAAGCTCTCGACCCCCAGTGATCAT
TTGCAAAAGGGGGGCAACACGCTAAAAATGCTTTGCAACAGAGCTAGACACAAATATAC
AGGGCTGTTTAAAGGCTTTTAGCACAAACATGGTTCATGGGTGGCTGGAGATAGCACTGAGCG
TCTAGGCAGGCCCAGAATGCTCATTAGCTTTACTTCAACTAATCAGAGAAAGGATTTTGA
TGAGACTGTGAAATATCCGAAGGGAGTTGAAACTGCATATGGCAACTTAGACAGCCTATA

ACATAACTAACTTTGCTTTGCTACTAACCACACTAACAATTTTTTTTACATTTATTTTTTAC
GTTTTTATTATTGCTATGGCGCGTGCTAAGCGGGTCAAGCGAGACTCTGTTACTCATATA
TATCAAACCTGCAAACAAGCAGGCACTTGCCCCCTGATGTTCTCAATAAAGTGGAGCAA
ACAACAGTTGCTGACAATATTTTGAAATATGGTAGTGGTGGTGTCTTTTTTGGAGGCCTC
GGTATTGGTACCGGTGCGGGTACTGGAGGTGTCACTGGATACAGACCTCTACCTGAAGGG
CCCGGTATCCGTGTTGGAGGGACTCCACGGTTGTAAGGCCTTCACCTGTTCTGAATCT
GTGGGTCCAGCAGATATATTACCAATAGACACTATCGATCCTGTGGAGCCCACTGCTTCC
TCGGTAGTTCCATTAACTGAATCCTCAGCAACTGATCTACTTCCAGGAGAAGTTGAGACA
ATAGCTGAGATTAATCCTGTTTTAGAGGGGCCCTACGATTGATTCACCTGTTGTGACAACA
AGCAGAGGCTCCAGTGCAATATTGGAAGTTGCACCAGACCCTATACCTCCAACACGTGTT
AGAGTGGCACGCACACAGTACCATAATCCTGCTTTTCAAATTATAACAGAGTCCACACCT
GCTCAAGGTGAAACATCTTTGGCAGACCACATCCTGGTCACATCTGGCTCAGGAGGTCAA
ACTATAGGTAGTGACATAACAGACATTATTGAATTACAGGAAATACCCAGTAGATACTCC
TTTGAAATAGAAGAGCCAACCCCCCCCCGGCAAAGCAGCACTCCACTTCAGAGGACACAA
ACCACTGGCCGACGTAGAGGAGTGTCCCTAACAAATAGAAGGCTAGTACAACAAGTGCAA
GTTGATAATCCTTTATTTATAGATAAACCTTCTAAGTTAGTACGCTTTTCATTTGATAAC
CCTGTATTTGAGGAGGATATAACAAATATTTTGAACAGGACTTAGAAACATTTGAGGAG
CCACCTGATAGGGATTTCTTTGATATTAAGCTAAGTCGACCTCAATACTCTACAACA
CCTGCTGGATATGTTAGGGTCAGTAGGCTAGGCACGCGGGGTACCATTTCGCACACGTTCC
GGAGCTCAAATAGGATCAGAGTTTCATTTTATAGAGACTTAAGTTCTATTGATTTCAGAA
GACCTTATTGAGCTACAATTATTAGGCCAACATTTCAGGTGATGCAACCATAGTGCAAGGC
ACTGTTGAAAGTACATTTGTAGATATGGACATAGCGGAAGATCCTTTGTCTGAAAGTATT
GAGGCTCATTTCTGATGACCTATTACTTGATGAAGCTGTGGAGGATTTTAGCGGGTCACAA
TTAGTTATTGGAACAGACGCAGCACAAACATCATACACTGTGCCCCGTTTTGAAACTACA
AGGAGCAGTTCTTATTATGTGCAAGATACACAAGGTTATTATGTGGCTTATCCTGAACAT
AGAAATACTGCAGAAATCATTTATCCAACACCAGATATACCTGTGGTAGTTATACATACA
CATGATAATAGTGGTGACTTTTTATTTACATCCTAGCCTGCGGAGGCGCAAGCGTAAAAGA
AAATATTTGTGATTTACTTGCAGATGGCTGTGTGGCAAGCGGCCCATGGTAAGGTCTATC
TACCACCATCAACACCAGTGGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGAATACATTCAAAGGACTA
ACATCTACTATCACGCCAATACTGACAGACTACTCACTGTAGGACATCCATATTTCAATG
TTTATGATAACACTGGTAAAAAATTGGAGGTTCTTAAAGTGTGAGGAAATCAACACAGAG
TATTTTCGCCCTCAAATTGCCAGATCCAAACAGATTTGCTTTAGCTGACATGTCTGTATATA
ATCCTGATAGGGAAAGGTTGGTCTGGGCCTGCAGAGGATTGGAAATAAGTAGGGGTCAGC
CTTTAGGCGTTGGAAGTACTGGACATCCCTATTTTAACAAAATTAAAGACACGGAAAAC
CAAATAACTATGCCACAGGCAGTAAGGATGATAGACAGAACACATCATTTGATCCTAAAC
AAATCCAAATGTTTATAGTGGGCTGTACACCTTGTGTGGGAGAACACTGGGAGAAAGCCT
TACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGTTGCCCTCCCATAGAGTTAAAGAACA
CTTTCATTGAAGATGGTGACATGGCAGATATTGGTTTTGGCAACATGAATTTTAAAACAT
TGCAACAAAAACAGATCTGATGTGACCTTGACATAGTGAATGAAACTTGCAAATATCCAG
ATTTTTTTGAAAATGCAAAACGATGTATATGGAGATGCTTGCTTTTTTTATGCTCGTAGAG
AGCAGTGTTATGCCAGACATTTCTTTGTGAGAGGAGGTAAAACAGGTGATGACATTCCTG
ACGCACAAATTGATGATGGCAATATGAAAAATCAGTATTACATTCCTGGAGCTCAGGATC
AATCTCAAAAGGATATAGGTAATGCGATGTATTTCCCAACTGTAAGTGGCTCATTTAGTTT
CTAGTGATGCTCAGTTGTTTAATAGGCCCTTCTGGCTTCAAAGAGCACAGGGTCATAATA
ATGGCATCCTGTGGGCTAATCAGATGTTTGTACAGTTGTAGACAATACACGAAACACCA
ATTTTCAGTATATCTATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATT
CTCAAAAATTTAGAGAATATTTAAGACATGTAGAGGAATATGAAATTTCTCTTATTTTAC
AATTATGTAAAGTTCCCTTTAAAGGCAGAAGTGTAGCACAGATAAATGCAATGAACCTCTT
CTTTGCTGGAGGACTGGCAATTAGGCTTCGTGCCAACTCCTGACAATCCTATTTCATGACA
CATACAGATATATCGAATCTCTGGCTACTAGTGGCTGATAAAAAATCCTCCAAAAGAAA
AGCCGGACCCCTATGATGGCTTAAGTTTTTGGACTGTAGATATGACTGAGAGACTTTCTT
TAGACCTGGATCAGTATTCCTTAGGGCGCAAGTTCTTATTCCAGGCTGGCTCCAAACAAA
CGACCGTTAACGGTACAACAAAATCATCAAGCTATAGAAGTTCCATAAGGGGGACCAAAA
GAAAACGCAAAAACATAATGTACCGAATTTGGTACAATTACCTCAACTTTTGCACAGTAT
TCAAGGAATGTTTGTTTACTCTGACTAAGTCTAACTCTACCAAGGAAACAGACCGCGCCC

GGTACATAAAGGTGAGTTGGTGCCAAATTAGTCTCACTTTGTTGCCAGAACATACCGTGT
TCGTCCCTAACATGCTCGGATTAGGTGACCGCCAAAGGACCTTTGGTTTGCCAAATAGCT
TACAGCAGCTCAGTTCTGGCACATTTGTGGACCGATAACGGTAAGTCTCATTC
>gi|312100|emb|X70829.1|_HumanPapillomavirus_type_65_complete_genome
ATTATTAATGATAGTTGGCAACAACCATCATCTAAAGTAATATATAACCGGAAGAGATAC
ATATAAAAAGACACATTGTATTCTTGATAAAATCCCATCCAGATGGCAGATGGCAGACCTG
CAGCTTTGGACGACTTCTGCAGACGATTTGATATTTCTTTTTTTGATTTGCATCTTACTT
GTATTTTTTTGTTCTCATACTGTTGATCTGCAAGATCTTGCTTCGTTTTATCTTAAGAAGC
TTAGTTTATGTTTTCAGGGGGGGTTGCTACTATGCATGCTGTTCTGAATGCTTACGTTTAA
GTGCAAGATTTGAGCAAGAGAATTATTTTCAGTGTTCTATAAAAGCTGTTAATTTGGAAG
AAGTAGCTCAAAGGAAAATTAAGGAGATTTGCATCAGATGTATATGTTGTTGAGACTAC
TAGACATTGTTGAGAAATTAGACTTGCTGTACTCTGACCAGGCCTGCTACTTAATAAGGG
GTTTGTGGAGGGGCTATTGCAGAAATTGCATTAGGAAACAATGAGAGGAGCAGCACCCAG
GGTTGCAGATCTTAATTTAGAATTAATGACTTGGTGTGCTTATAAACCTGCTGAGTGA
GGAGGTCTTGCAACCTTCAGATGATGAGTCTGAGGCTCCAGAGGAGGAGCTTTTTCTTTT
TAGAATAGACACCTGTTGCTATAGATGTGAAGTTAATGTAAGGATTACTCTGTTTGCTGT
GGAATTTGGACTTCGAGCGTTGGAACAACCTCATAGTGGACGGAAGCTGACGTTTTGCTG
TACTACTTGTGCAAGAACCTTAAGAAATGGCAGATAAAGGTACAGAAAATTTTGACTTAG
AAGGGAGTAGTTGGTATATTGTGCATGAAGCAGAATGCACAGACAGTATAGACACTTTGG
AGGATTTGTGCGCAGAAAGCGATTCAAATGTTTCCAATTTAATTGATGACGATGTGGTTG
ATCAGGGGAATTCCTGGCACTGTACAATGCAAAAATAACTGATGATTGTGATAATGCAA
TAGCACACCTAAAACGAAAGTATAACAAAAGTCCAGAGCAGGCAGTTGCTGAATTGAGCC
CTCAGTTGCAGGCTGTGAAAATTACTCCTGAAAGAAACAGCAAAAGGAGATTATTTTCAGG
AGGACAGTGGGATATTTGAAGATGAAGCTGAAAATTCTCTTACACAGGTAGAATCTAACA
GCCAGACTGGTGGCAACAGCCAAGATGGCGGAGGAGATATTAAGTTACTGTTGTTACAAA
CTAGTAATAGGCGTGCTACAATGCTTGCAAAAATTTAAAGATTGGTATGGGGTTTCATATA
ATGAAATAACTAGAGTTTATAAAAGTGATAAGTCTTGTAGTGATAATTGGGTTATAGTTA
TCTTTTCGAGCTGCTGTTGAAGTTTTGGAAAGCTCTAAAATTGTTTTGCAACAGCACTGTA
CATATATTCAAGTTAAATATTTGGATTTTCAGCTTTATATTTATTACAATTCAAAAGTG
CGAAAAGCAGAGAAACGGTACAAAAGTTAATGTGTTCTATGTTGAATATTCAAGAGTTTC
AAATATTGACTGACCCTCCTAAGTTACGAAGTGTGCCTACAGCTTTATACTTCTATAAGC
AAGCCATGTTAACAGAGAGCTTTGTTTTCGGACAGACACCAGATTGGATTGCAAAGCAAA
CCTTAGTAAGCCATCAAGCAGCAACTACTGCAGAAACATTTCGAATTATCAAAAATGGTTC
AGTGGGCTTATGATAATAATCTGCTGGAAGAATGTGATATTGCGTATCATTATGCTATGT
ATGCTGATGAAGATGCTAATGCTGCAGCCTATTTAAAGAGTAATAATCAAGTAAAACATG
TTAGAGATTGCAGTACAATGGTTAGAATGTATAAAAGATATGAAATGAGGGATATGTCAA
TGTCAGAATGGATTTATAAATGTTGTGATGAATGCACCGAAGAAGGTGATTGGAAACCTA
TTTCTCAATTTTTTAAAATATCAAGGTGTCAATATTCCTTTCTTTTCTTATAGTTCTAAAGT
CTTTTTTTAAAAGGTATTCCTAAGAAAAATTCATAGTCATTCATGGCCCACCAGATACTG
GAAAATCTCTGTTTTGTTATTCTCTAGTGAAAATTTCTTAAAGGTAAAGTAGTATCCTATG
TGAATCGAAGTAGCCACTTCTGGTTGCAGCCTTTAATGGATTGTAAGGTAGGATTTATGG
ATGATGCAACCTATGTATGCTGGACATACATAGATCAGAATTTGAGGAATGCATTAGATG
GAAATCCAATGTGTATAGATGCAAAACATAGAGCTCCACAGCAATTAAAATTACCTCCTA
TGTTAATAACATCAAATATTGATGTGAAACAGGAACAATCATTAATGTATTTGCATAGTA
GGGTCCAGTGTTTTAGTTTTCTTAATAAAATGCCTTTTTTTAGATGATGGTCTCCCATGT
ATACATTTACTGACGCAACGTGGAAATCTTTTTTCCAAAAGCTTGGCAGACAATTAGAGC
TAACAGATCCTGAAGAGGAAAGCAATGGAGTCCCTAGTCGCGCGTTTCGATGCACTTCAA
GAGCAATCTGACTCATATTGAGTCTCAGGACGATACTTTGGAATCCCAAATTCGATAT
TGGGAAAATATCAGAAAAGAAAATGCAATAATGCATTTTGCACGAAAACAAGGCCATAACA
AAATTAGGTCTGCAACCCTTCCACATTAGCAGTAAGTGAATATAATGCAAAACAAGCA
ATACAAATACATTTGACTTTGCAGTCATTATTAAGTCTCCTTATGGATCAGAGCGTTGG
ACTCTGCCAGAAGTTAGTGCAGAACTGATTAATACTGCTCCACAGAACTGTCTAAAGAAA
GGAGGTTATGATGTGTCTGTATGGTTTGATAATGATAGATATAATGCTATGGTGTATACA
AATTGGGATTATCTATATTATCAAGATGTCAATGAAATATGGCATAAAAGTTAAAGGTGAA
GTGGATTATGATGGCTTATACTTTACAGACCATACAGGAGAACGTGCATACTTTACTCTG

TTTAGCACAGATGCTCACAGATTTAGCAGAACTGGACTATGGACTGTGCATTTTAAAACA
CAAGTTATTTTCCTCCTCTGTTGTCAGCTCAACAAACACCCCCCTCCTTCGACTTTGAGGAA
CAACAACTACCCGGGCCCTCAACACCCACCTACACCGAGCTTACCCAGGCGAGCCCTTGT
GGTAGGGGGAAATCGAGGGAATCTCAACCGACCTCCACAACGTCCCCGAAACCTCGGGG
CTACGAGTACGACGAGGACGACGACAAAGAAAATCAGGGCCCGGGCCAGGAGAGACCCCC
AGCAAAAGAAGAAGAGGAGGAGGGAGAGGAGGAGAGACCAGATTGGAGTCTGCGCCA
TCTCCTGGGGAAAGTGGGAATCAGACATAGAACAGTTGAAAGACAAGGTCTGTCGCGACTT
GGACAACTACAAGCTGAAGCTAGGGATCCACCCATGATATTGTTAAAGGGCACAGCAAAT
TCGTTGAAATGTTGGAGATATAGGAAAACAAAATTCAGTAACTGTGGGTTTCTCTTTATG
AGCACTGTTTGGAACTGGGTTGGTGATGTGTCAGAAAATCACAGTCGCATGTTAATTGCT
TTTAAAGTCTCTGGTCAGAGAGACTCATTTGTAAACACAATCTATTCCCAAACCTCTGT
ACATATACCTATGGTCTTTAAATAGCTTATAAAATGCAAGCCTCACGCAGAACAAAAG
AGACTCAATACCAAACCTCTATGCAAAATGTCAATTATCTGGCAACTGTCTCCCGATGT
AAAAAATAAAGTAGAAGCTGATACCCTTGCTGATCGTTTGCTCAGATGGTTGGGAAGTGT
CATATACTTAGGAGGTTTGGGAATTGGGACGGGAAGAGGCAGTGGAGGGTCTCTGGTTA
TAATCCACTGGGAGCCCCTAGCAGAGTAACACCTAGTGGAAGTGTATAAGACCAACAGT
CCCTGTAGAAGGTCTGGGGCCTAGTGAAATCATCCCTGTAGATGTTGTAAACCCTGGCAG
TTCTTCTGTGGTTCCTTTAGAGGATTTAACAGTTCAGAAAGTCACCATAGATAGCGGGGA
GGTGGGAGGAGGTGGTCTTACCTCTCTGAGATAGATGTTGTCACCTCCTCAGACCCTAT
TTCAGATGTCACCTGGTACAAGTAGCCACCCCTACAATAATATCTGGCGAAGATAACGCCAT
TGCAGTCTAGATGTTTCTCCAACAGAGACCCCCCTACCAAACGCATAGCTTTAGGAACTAG
GGGCGCAACATCAACACCACATATAAGTGTAATATCAGGCACGACCGAATTGGTTCAGTC
TTCAGACCTAAATGTGTTTGTAAATGCCACATTTTCTGGAGATTCTATTGGATATACAGA
AGAAATTCCTTTAGAAAGAGTTGAATACTATCCAGCAATTTGAAATAGAAAACCCCTCCAAA
AACTAGCACACCACGTGAGACTATTGGACGTGCTTTGGAAAGAGCGCGAGATCTTTATAA
CAGAAGAGTGCAGCAGATAGCCACTAGAAAATCCAGCAATGCTAGGACAGCCTTCCCGCGC
AATAGTTTTTGGATTGAAAATCCCGCCTTTGACGCTGACATCAAGTATTTGAGCG
GGACTTGGAACAGGTTGCAGCAGCTCCAGATGCTGATTTTGCTGATATAGTCAGAATAGG
GCGTCCAAGATTTTCTCAGACAGACACTGGGCAAATTAGAATTAGCAGACTTGGGCGCCG
AGGAACTATTAACACTAGAAGTGGTTTGCAAATTGGTCAGGCTGTGCATTTTATTATGA
CTTGAGTACAATAGACACTGCTGATGCAATTGAGCTATCTACACTGGTCAGCATTCAGG
AGAACAAAGCATTGTAGATGCAATGATAGAGAGCAGTTTCGTAGATCCCTTTGAAACTCC
TGATCCTACATACAGAAGAGCAACAGCTTCTAGATCCCTTACAGAGGATTTTAGCAA
CTCTCACTTGGTTTTAACTAGCAGTAGACGTGGATCTTCATTCACTATCCCCACTATTCC
TCCTGGTTTTAGGCTTGAGAATTTATGTTGATGATGTAGGCTCCGATTTATTTGTATCTTA
CCCAGAAACAAGAGTTATACCTGCGGGAGGCTTACCTACTGAGCCTTTTACCCCGTTAGA
GCCTCCATTTTTTTTCAGAGTTTTACAGTTCTGACTTTGTATATCGTCCTAGTTTGTATCG
CAAGAAACGAAAACGATCAGATATATTTTAAATTTTTTGCAGGAACATGGCGAGTTGGTTA
TCTGCAAAGGGTAAAGTGACCTACCTCCCGCTCAACCTGTGGCAAGAGTTTGGAAACT
GACGAATATATCACTGGAACATCTCTTTATTTCCACGCTGGAACAGAAAAGGCTTTTAACT
GTAGGCCATCCTTATTTTCCAGTGAAAGATGTGCAGGATCAACACAAGGTTTTAGTTCCCT
AAAGTTTCTGGAAAGTCAGTATAGAGTTTTTCAGATTCTATTTACCAGATCCTAATAGGTTT
GCATTGATTGATAATGGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTTGTTTGGAGACTCAGA
GGAATAGAAATAGGTAGGGTGGTCCCCCTGGGATTGGAACAACAGGCCATCCTTTATAT
AATAAGTTTGGAGATTGAGAAAATCCTAATGGATACAGGAAACAATCAGATGACAACAGA
CAGGATGTTTCTTTAGATCCAAAACAGACACAAATGTTTATCATAGGTTGCACTCCTGCT
ATTGGGGAACATTGGGATAAGGCTGAGCCTTGTGCAAGTCCTGTTCTCAACCAGGAGAT
TGTCTCTATAGAGCTTGTGAACACATATATTGAGGATGGGATATGTGTGATATTGGT
TTTGAGAGCTTTTAAATTTTAAAGCTTTGCAGCAGGATAAATCTAGCGCTCCATTGGATGTA
GTTGCTACAATGTGCAAATGGCCAGATTTTCTAAAAATGAGTAAAGATGTCTATGGAGAT
AGCTTATTCTTTATGGTAGGCGAGAACAGTTATATGCCAGGCACTTTTTTGTAGAGCA
GGAGCAATGGGAGATGCACTACCAGAACCTTTTCGAGGTTAAACTGATTACTGGATTCCCT
GCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATAGGCACTCCTAGT
GGATCTTTAGTTTCAAGTGAGTCCAGTTATTTAATCGACCGTATTGGTTAAACAGAGCT
CAGGGTACAAATAATGGAATATGCTGGGATAATCAATTATTTGTGACACTTGTGACAAAT

ACTCATAATACTAATTTTACTATTTCTGTAAAAACAGAAGCAGCTGATGAATCCTATAAA
TATAAAGCAGGTGATTTTAAACAGTATTTAAGACACATTGAGGAGTTTGAAATGGAATTT
ATTTTTCAGCTTTGCACAGTTCCTCTTACAGCCGATGTCATGGCTCACTTAAATGTAATG
AATCCTAATATCTTAGACAATTGGCAATTAAATTTTGTGCCCCCTCCTCCTTCAGGAATT
GAGGATCAATATAGATTTATACAATCCAGAGCTACGAGATGTCCTACTCAGTCTCCAGT
ACTGAAAAGGAAGACCCCTTATAAAGATTTATCATTTTTGGGGTGTAGATTTAACAGAAAGA
TTTTCCAGTGAACTTAGCCAATTTTCTTAGGGAGACGCTTTTTATATCAAAGTGGTTTA
ATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAATTCTCAAGCTCCAACCTAGTATTTAA
CGTTCTGCCAAACGAAAACGGTCTATTAAACAGTAGATTAATCCTTATAAGAATGCATTT
GTTCTGCCAATAGAACTTAAACTGAGCCAATTATTATATAATCTTTGGAAACGTGTATG
TATTTGCTTTTTCTGTGAGAACTTGAGTAAAATAAACTGCCACATTCTTGCCACTGTCC
ATATTGTCTGACTCATTGGTCAACATGTGTGTCCGCACCCAGTAATTACCTGGATCGCC
TCCACATCCGTCGGATGCGCGCCAAAAGAGGAACGTCCCCTTCTATTTTTCTAAAAAATT
ACCGTTTCTGCAGCTGCAAAATTGTGTAAGACCGTTATCGTTCCCTGTAAACCTTGGCACA
AAAGGTGAGTGAAAGTTTTATAGTAACGTTTATGAGTCAATTTGTCTGGCGGCGCTGAAC
GAATTTGGCTGTCAGCCTTTGCACCGGGAGTGGTAGAAAATAGTTTCT
>gi|60882|emb|x55965.1|_HumanPapillomavirus_type_57_complete_DNA
TAATATATAACTATAATCCTTCATTCAAAAAATAGGGCGTAACCGAAAACGGTCAGACCG
AAAACGGTTCGTATAAAAAACAGGAGCGCCATGTACAAGGGCAGGGAGTGTCTGAAGAAAATC
CATGCCCCTAGGAACATCTTTCTGCTGTGCAGAGAGTATGGTTTGGAGCTAGAGGATTTGA
GAATACTGTGCGTGTATTGCAAGCGGCCGTTATCAGACGCTGATGTGCTGGCATTTCAG
TAAAGGAACGTGTTTGTAGTGTGGAGAAAGGATTCCCTTATGGAGCATGTGAAAAATGCT
TAATTGCAGCAGCAAACTTAGACAATACAGGCACTGGCATTACTCATGCTACGGAGACA
CAGTGAGACCGAGACAGGAATACCCATACCTCAGCTGTTTATGAGATGCTATATCTGCC
ATAAGCCCCGTGTTGGGAGGAGAAGGAGGCATTACTGGTCGGCAACAAGCGGTTCCACA
AGATATCAGGCCAGTGGACCGGACATTGCATGAACGTGTGCGCCAAGATGCATGGAGAACG
CCCCAGCCTTGAGGACATCACACTAATATTGGAAGAAATACCGAAAATTGTTGACCTACA
TTGCGACGAGCAATTTGACAACCTCAGAAGAAGATACTAACTATCAACTGACAGAACCAGC
TGTGCAGGCCTACGGGGTGGTAACGACGTGCTGTAAGTGCCACAGTACAGTCCGGCTGGT
GGTTGAGTGCGGAGCGGCGGACATAAGGCATCTGGAGCAGCTGTTCTGAATACGTTGAC
CATAGTGTGCCCCCGCTGCGTATAGCGTCATGGAGGATTTCGGAAGGTACCGACGGGACCG
ATGAGGACGGGTGCCGGGCAGGGGGGTGGTTCCATGTGGAAGCCATAATAACTCATGGCC
AGAGTCAGGTATCCAGTGACGAGGATGAGGATGAAACAGAAACAAGGGAGGATTTAGACT
TCATAGACAATAGGGTTCCCGGAGATGGGCAGGAAGTTCCCTTGCAGCTATATGCACAAC
AAATCGCCCAGGATGACGAAGCAACAGTGCAGGCCCTAAAACGAAAGTTTGTGGCGAGTC
CTTTGTCTGCATGCTCATGCATAGAGAATGATTTGAGTCCAGATTAGATGCAATCTCGC
TAAACAGAAAGTCAGAAAAAGCGAAGAGACGCTTATTCGAGACAGAGCCACCAGACAGTG
GGTATGGCAATACGCAGATGGTTGTTGGAACGCCAGAAGAGGTAACAGGGGAAGACAACA
GTCAGGGGGGGCGGCCGCTGAGCGTTAGGGAGGAGGAGCGTCAAGGGGGGACGGAGAGG
CAGATCTAACTGTACACACTCCACAGTCAGGAACAGACGCGCGGGTAGCGTGCTGACGT
TACTGAAAAGTAGCAATCTGAAGGCGACGTTACTGAGTAAGTTCAAGGAGCTATACGGGG
TGGGATATTACGAACTGGTCAGACAGTTCAGAGCAGCAGGACAGCATGCGCAGACTGGG
TAGTATGTGCCCTTTCGTGTGTATTATGCAGTGGCAGAGGGTATAAAACAGCTGATACAGC
CACACACGCAATATGCACACATACAGATACAAACAGTTTCTGGGGAATGGTGGTTTTCA
TGTTGTTGCGCTACAACTGTGCAAAGAACAGGGACACCGTCTCCAAGAACATGAGCATGC
TGTTAAACATTCCTCGAGAAGCATATGCTCATAGAACCACCAAACTAAGAAGTACACCTG
CTGCCTTGTACTGGTACAAGACATCCATGGGTAATGGGAGTGAGGTCTATGGAGAGACAC
CAGAATTGGATTGTGAGACAGACACTGATAGGACACAGTATGGAGGATGAGCAGTTCAAAT
TATCTGTTATGGTGCAGTACGCATATGACCATGACATAACGGACGAGAGCGCAGTGGCAT
TTGAGTACGCACAGCTGGCGGACGTGGACGCCAATGCGGCAGCATTCTTAAACAGCAATT
GCCAGGCCAAATACCTAAAAGACGCGGTGACCAATGTGCAGACACTACAAGCGTGCAGAGA
GGGAACAAAATGAGTATGAGCCAGTGGATCACATTAGAGGGAGTAAGATATCAGAGGAAG
GAGATTGGAAGCCTATAGTGAAGTTTTTAAGGCATCAGGGGGTAGAGTTCGTGTCATTCC
TTGCCGCTTTAAGTCATTTCTAAAAGGCGTGCCCAAGAAGAATTGCATAGTGTATATG
GACCTGCAGATACAGGCAATCATATTTTTGCATGAGTCTTTTGCAGTTCCTAGGTGGCG

CTGTAATATCATATGCCAATTCCAGTAGCCACTTTTGGCTGCAGCCCTTAGCTGACAGTA
AGATAGGGTTACTGGACGATGCGACGGCCCAGTGCTGGACGTATATTGATACATATCTTA
GGAACCTACTAGATGGCAATCCCTTCAGCATAGACAGGAAACATAAGACCCTGCTGCAGA
TAAATGTCTCCACTGATGATAACAACCAACATAAATCCTTTAGAGGAGGACAGGTGGA
AGTATTTGCGCAGCAGAGTAACACTGTTTAAAGTTTACCAACCCATTTCCCTTCGCAAGTC
CCGGGGAGCCCTTATACCCTATAAATAATGCAAACCTGGAAATGCTTTTTCCAAAGGTGCT
GGTCCCGCCTAGACCTAAACAGTCCAGAGGATCAGGAAGACAATGGAAACACTGGCGAGC
CGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTGCTAGAACTGTATGAAAAAGATAGCAACAACTT
GAGGACCAAAATTAACATTGGGCGCAGGTCCGGCTAGAAAATGTAATGTTGTTTAAAGGCT
CGGGAATGTGGAATGACACGAGTCCGGCTGTACAACAGTGCCCGCCCTCACCGTGTGAAA
GCTAAGGCTTGTGAGGCCATAGAGGTTTACGCTGGCATTACAGACATTGATGCAGAGTGCA
TATAGCACGGAGGCATGGACCCTGCGAGACACGTGCCTGGAGATGTGGGAAGCACCTCCA
AAGAGATGCTGGAAAAAGAAAGGACAATCAGTATTAGTAAAGTTTGTATGGCAGCTGTGAC
AGAGACATGATATACACGGGCTGGGGCCATATATATGTGCAGGACATTAACGATGATACC
TGGCATAAGGTGCCCCGGGCAGGTGGACGAACTGGGACTATTTTATGTGCACGACGGCGTA
CGTGTAATTTATGTGGACTTTTGAATAGAGGCCCTGACCTATGGGGTTACTGGGACGTGG
GAGGTGCAGGTGCGGGGGCGTGTATTATTCATACATCCGCATCTGTGTCTAGTACCCAG
GCCGCCACCTCGGACGACGACACACTATCCCCCTTTAGATCTGCTGCGGCCGAGTCACA
GCCACAGCCACAGCCACAAGCAGTCCCCGCCACACTCCAGGACTCCGCCCAGGCGCCA
TCGAGTCCCGCCACCCCAAGCGCCAGCGGGTCACTCGTGACAGCAGTGGCAACAGCCCGAC
TCTACGCGGAAGGTGAGAGAAGGGCAGGTGGAGTGTCAAACGACAGGAGCATCCGTAAC
CCTGACAGCAGACACCCCCGGCGGGGCCACAGTGACCTTGACGCTGTGCCTGTGATCCAC
CTGCAAGGTGAAGCAAACCTGTTTAAAGTGCTTCAGATACAGGGTGCAAAAAACATAAAGAC
GTACTGTTTTGTGAAGGCATCCTCCACCTGGCATTGGGCGTGTGGGAATGGTGACAAGACT
GCCTTTGTAAACATTGTGGTACAAAAGTCAGGAACAGCGTGCAGAATTCCTTACAAGGGTC
CATCTACCCAAAGGGGTGAAGGCACTGCCAGGGTATATGTCTGCATTTGTATAAATGTAT
AGTCTGTAACATAATACACAGGTCCGCAACATTTACAGCCTGTATCATCAACACAGCCC
TGGACTACTTTCTCTGCGTGGTGTGAGGGTGGTCCCATCTGCTGGTACTGTTGCTCTTCC
TTTGGCTCTCTCAACTAACCCCTCTGGTAGCCTATCTGGTGTCTCTTCTGTGTCTATA
TAGGGCTGTGGTTGATATTTTTTGCAGGCCTTGTGGTTTCTACAATAGTTGATATTACATT
GTGACCAACTGCTGCTACCCTGTATATACCTCCCCCTGTATACTGCAATGTATCCTGCT
GTGTACAAGGGCACGGGCGGGTTCGTATCCCATTGTCCTGTGGGGCCCTGATGATGTGGAT
TGCTTGTTGATTATTCTTTTGTGATTGCCATTTTGTGTTGATGCTGTACGTCCGTCTG
CTGCAGTAGTGTACATACTCATTGTGTTTTTGTCTACATACTCATTTTGATACATTTTTAT
CGGTGTGCACCTGATTGCCTTTGTATTGCTACGTGTCAATAAACTTATTGCCATGTCACC
ACGTGCAAAGCGTCGGAAGCGCGCCTCCCCACTGACTTGTATCGGACATGCAAGCAGGC
TGGAACGTGCCCCCTGATATCATACCTAGGGTGGAACAGGACACATTAGCTGATAGGAT
ACTCAAATGGGGCAGCCTGGGGGTCTTTTTTCGGTGGCCTCGGTATAGGTACTGGAAGCGG
CACTGGGGGACGCACAGGCTACATAACAGTGGGCACCAGACCAACAACCTGTCGTTGATGT
AGGACTGGCGCCAAGGCCACCTGTAGTAATAGAACCTGTGGGGCGTCTGAACCATCTAT
TGTTAATTTGGTGGAGGATTCTAGCATCATTAATGCTGGGTCTCTCATCCAACCTTTAC
CGGTACTGGTGGGTTTGAAGTTACCACTCAACGGTGAAGTACCCTGCAGTCCCTGGACAT
CACTCCTTCGGGTAATGGGGTGCAGGTAGCAGCAGTAGCTTTGTGAATCCTCTCTTCAC
TGACCCTGCTATTATTGAGGCTCCCCAGGCTGGGGAGGTTACAGGGCATGTGCTTGTAG
CACTGCCACATCAGGGTCCCACGGCTTCGAGGAAATACCAATGCAGACCTTTGCGACCTC
TGGTGGGGATGGAGGAGAGCCCATAAGTAGCACACCTGTCCCAGGCGTGCGCAGGGTTGC
TGGGCCCCGCTTTATAGTAGGGCTAATCAGCAGGTGCGGGTCCGGGACCCTGCCTTTAT
TGACCGTCTCGCGATTGTTGGTGACATTTGACAACCCTGTCTATGACCCCCGAGGAACTAT
AATATTTAGCATCCAGGCTTGACATGAGCCAGGACCCAGACTTCCTGGACATAGTGTC
ACTGCACCGCCCTGCCCTCACATCCACCCGCGAGGTAAGTGTCCGCTTCAGTCCGTTGGG
ACGCCGGGCCACGCTTCGCACGCGTAGTGGTAAACAAATTGGGGCTAGGGTACACTTCTA
TCATGATATCAGCCCTGTGCTCCCCGAGGAATTGGAGATGGAGCCGCTGTTACCCCCAC
GTCGGAGCCCCATATGACATATATGCCGAGTCCGATTTCTTGCAACCCCTTAGATTCGGA
TGTCCCCGCGGCCCTCGAGGTACCCTTTCCCTGGCAGACACTGCAGTGTCTGCATCCAC
CGCTTCTACGTTGCGGGGGGCCACCCTGTTCCCTGTGAGGTGGTGTGGATGTGCCTGT

GTATACCGGTCCTGATATTGACCCGTCTGTAGGCCCTGGTATGGGACCGCTGGTGCCTGT
GATACCAGCCATACCATCCTCTGTGTACATAGTTGGGGGTGATTACTACTTGCTGCCAAG
TTATGTTCTGTGGCCTAAACGACGTAAACGTGTGCACTATTTCTTTGCAGATGGCTATGT
GGCGGCCCTAATGAAAGCAAGGTATACCTGCCTCCAACACCTGTCTCAAAGGTGCTCAGTA
CGGATGTCTATGTCACGCGGACGAATGTTTATTATCATGGTGGGAGCTCTCGGCTCCTCA
CAGTAGGCCATCCATATTATTCTATAAAAAAAGTGGCAATAATAAGGTGTCTGTGCCCA
AGGTATCGGGCTACCAGTACCGTGTGTTCATGTGAAGCTGCCGGACCCTAATAAGTTTG
GTCTGCCTGATGCCAACCTCTATGATCCCGACACCCAGCGTCTGTGTGGGCCTGTGTCTG
GCGTTGAGGTGGGTCTGTGGCCAGCCTCTGGGTGTAGGGATATCCGGCCACCCTTATTATA
ACAAACAGGATGATACTGAAAATTACACAATCCCGACGCAGCTGATGATGGGAGGGAGT
ATATATCCATGGATTATAAACAGACACAGCTGTTTATTTTGGGTGCAAGCCCCCTATAG
GTGAGCATTGGTCCAAGGGCACTACCTGCAGCGGTCTTCTGTCTGTTGGTGACTGTCCCC
CCCTGCAGTTTACAAATACCACTATTGAAGATGGGGATATGGTTGAAACCGGGTTCGGGG
CGCTGGATTTTGC CGCTCTACAGTCCAACAAATCAGATGTCCCCCTGGATATCTGTACTA
ACATATGTAAATATCCAGACTATCTGAAGATGGCTGCAGACCCTTATGGCGATTCTATGT
TCTTTTCCCTGCGCAGGGAGCAAATGTTCACTCGGCATTTTTTCAATCGGGGTGGGTCTGA
TGGGTGACGCCCTCCCGGATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCGGTA
GTTATGTTTATACCTCCACTCCCAGTGGCTCTATGGTATCCTCTGAACAGCAGTTATTTA
ACAAGCCTTACTGGCTGCGGAGGGCCCCAGGACATAACAATGGCATGTGCTGGGGCAATC
GGATCTTCCCTAACAGTGGTGGACACCACGCGCAGCACAAATGTCTCTTTGTGTGCCACTG
TAACCACGAAAACCTAATTATAAAGCCTCCAATTATAAGGAATACCTTAGGCATATGGAGG
AATATGATTTGCAGTTCATTTTTCAACTGTGCAAAATAACACTCACCCCCGAGATAATGG
CATAACATACATAACATGGATGCGCGGTTGCTAGAGGACTGGAACCTTTGGTGTCCCCCAC
CCCCGTCCGCCAGCCTGCAGGACACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGATAACATGTC
AGAAGCCACACCCCCCTAAGACCCCTACTGATCCCTATGCAACCATGACATTCTGGGATG
TGGATCTCAGTGAAAGTTTTTTCATGGATCTGGACCAATTCCCCCTGGGACGCAAGTTTT
TATTGCAGCGGGGGGCCACCCCCACTGTGTCTCGAAAACGCGCGCTGCAACTGCAGCGG
CGCCCACTGCTAAACGCAAAAAGGTGAGGCGATAGTGATTCTGTGTCTGCCCTCATTTCCCT
TTGCTCTACTTTTGTATATGTACATATGTTTCAGTGTTGTCTGTGTGTTGTGTTTGTGT
GTGTTGTCTGTTATTATGTTTGCATGTACACATGTCGGTACACATGTCTGGTATGTATTC
CTCCCATATGAATAAACGTGTGTATGTGTTGTGTGTCTGTTGCACTCTGTAATTGTCC
CCGCTGCATGGTTTGCACACTGTGGCCTGTATGTAGCCCCCTGGTAGATACGACCGTTTT
CGGTTGCGTGCAGTTTCGGTCGGCGCTGCTGCCAGCACACTCATATCCTTTAATCCTTTA
ATTGCTTTAATCCTTTCACTTTTTTACTGTGCCAACTAAAATGATTTTGCTTTTTTGATTG
TTTTGTGTCTGCATTAATGCAGTTTTTCTTTTTCCAGTGCCAGACCGCGTGTGGGCGTGC
ACATTCTACATAGATTATCTTCCTGTGTTGGCGGGGATTTTCCCTGCGTCTGCAGAAAA
ACCTGCCACCACAGCACCTTGGGCGCGTCGTTTTTTGAGCCAACCTTTCCCTTGCCAAGTT
GTCTTGCCGCGCATTTCCAAGAAACACACCTATTCCGGTGCGAATCTCTACTATGTGGTTT
A

>gi|40804528|emb|AJ620211.1|_Human_papillomavirus_type_94_complete_genome

TAATGTAGAGAATAAGAAATAGGGAGGGACCGAATACGGTGCAGACCGAAAGGGGTACATA
TAAACAAGGCACTTACAGACTGGCAGACGCCATGTCTATGGGTGCACAAGAACCCAGAA
ACATATTCTTATTGTGTAGGAACTGTGGAATATCATTTGAGGACCTTCGCCCTGTGCTGCG
TGTTCTGCACCAAACAGCTGACCGTAGCCGAATTGACTGCATTTGCATTAAGAGAATTGA
ATTTGGTGTGGAAAGCGGGAGTGCCATACGGTGCCTGTGCCCGGTGTTTACTTCTGCAGG
GCATTGCACGGCGCCTAAAATATTGGCAATATTCATATTATGTAGAAGGCGTGGAAGAGG
AGACCAAGGAATCTATAAATACACAGCAGATCAGATGCTACACGTGCCACAAACCGCTTG
TAAAGGAAGAAAAGGACAGACATCGTAACGAACGGCGACGACTGCACAAAATATCAGGGT
ACTGGAGAGGGTGTTGTGCTTATTGCTGGACACGATGCACGGTCCGCATCCACAGTAAA
AGATATAGAATTGAGTCTTGACACAGAGGACATCCCTGTAGTATGCAATGTGCAATTAGA
TGAAGAAGATTATACAGATGTGGTGGAACCAAGCACAACAAGCGTATAGGGTGGTAACAGT
ATGTCCAAAGTGTTAGTTTACCACTGCGACTGGTGGTAGAGTGCAGCCACGCAGATATAAG
GGCACTGGAGCGTCTGCTGCTAGGCACATTGAAGCTCGTGTGTCTCGCTGCGTGTAACA
GGACATGGACGATAATACAGGTACAGAGGGGGGCGAATGTTCCGAGGCGGAACGGGCGGG
AGGATGGTTTATAGTGGAAGCCATTGTAGACAGGCGGACAGGCGATCCCCGTATCCAGTGA

TGATGATGAGGATGAGGATGAAGAAGGGGGAGATTGTGTAGACTTCATAGATGATACCAG
GTCTGTAGGGGATGGACAGGAAGTGGCACGGGAAGTGTTCCTGCAGCAAGCAGCTGCGGA
TGACGATATAGCTGTGCAGACTGTAAAACGAAAGTTTGCACCTAGTCCTTATTTTCAGCCC
TGTGTGTGAACAAGCCAGCATAGAACATGAACCTAAGTCCAAGGCTAGACGCCATAAAGCT
GGGGAGACAATCAGCAAAGGCTAAACGTCGTCGTGTTTGTAGCTACCGGACAGTGGGTATGG
CCAAACACAGGTGGATACGGAATCGGGACCAAACAGGTACAGGGCAGCAATGAGACGCA
AGATGGCCGCCAGGATGATGAGGAGGGGAGTGTGGTACAGAGCAGATGTGAGATGGGCAA
TCAAAATGGCCGCCAGAACAGTACAGAGGGGAGCGGGAGGAATGTGGGGGACCATGGCAG
CCAAGAGGAGGAGCGTGCAGGAGGGGATGGGGAGGAATCGGAGTCCCACAGCATAGACAC
TGGCAGGGGAGCAGGCGGCGTGTAGCAATATTTAAAGCCAGCAATCATAAAGCAACTTT
ACTGGGTAAAGTTCAAAGAACAATTTGGATTGGGATATAATGAACTTATTAGACACTTTAA
AAGTGATAGAACAGCATGTGTAGATTGGGTGGTGTGTGTATTGTTGGGTGTATTGCACGGT
GGCAGAGGGCATAAAGACCCTTATACAGCCATTGTGTGATTATGCACACATACAAGTGCT
ACCATGCCAGTGGGGAATGACAGTGTATGCTGGTACGGTACAAACGTGCCAAGAACAG
AGAAACAGTAGCAAAAGGCTTAAGCACATTATTGAATGTACCAGAAAGCCAGATGTTAAT
TGAACCACCAAAATTAAGGAGTGGTCCAGCTGCGCTGTATTGGTACAAGACCAGCATGTC
CAGCTGTAGTGATGTGTATGGAGAGACACCAGAGTGGATAGTTAGGCAAAACAATGGTGGG
ACATGCAATGGAGGATGCGCAGTTTACCCTTTCAGAGATGATACAGTGGGCATATGATCA
CGATATTACAGATGAGAGCACTCTGGCATAACGAGTATGCACTGATTGCTGACACAGATGC
CAATGCTGCTGCCTTTCTTGCTAGCAACTGTCAAGCAAAGTATCTAAAGGATGCATGCAC
AATGTGCAGACATTATAAAAGAGGAGAACAGGCGCGTATGAGTATGTCAGAATGGATACG
GTTTCAGAGGCGACAAAGTACAGGGAGATGGAGATTGGAAGCCCATAGTCCAATTTTTTAAG
ATATCAGGACGTTGAATTTATACCATTCTTATGTGCCTTTTAAACATTTCCTTCAAGGAAT
TCGAATTCCAAAGAAAAGTTGTATAGTGTTTTATGGTCCAGCAGACACCGGAAAATCATA
CTTTTGCATGAGCTTACTTAGATTCTTGGGGGGTGTCTGTTATATCATATGCAAATTCAG
CAGCCATTTTTTGGTTACAACCATTATCGGAAGCCAAAATAGGGCTGTTAGACGATGCAAC
CACTCAGTGTGGAAGTATGTAGATACTTATTTAAGAAATGCCTTAGATGGTAACCAAGT
GTGTATAGACAGGAAGCATAGGGCCTTGCTACAGCTAAAATGCCCTCCGCTATTAATAAC
AACAAATGTGAATCCACTGGCGGATGAAAAATGGAAGTATTTGCGCAGCAGGTTGCAGCT
CTTCACATTTAAAAATCCTTTTCCAGTGACAGCACAAAGGAGAACCCTGTATACATTTAA
TGATCAAAATTTGGAATGCTTTTTTTCGAAGGTTATGGGCACGTTTAAAGCCTTACCGATCC
TGAAGACGAGGATGAAAATGGAACCCCTAGCGAACCCTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAA
TGCTAGAACTTTATGAAAAGGATAGCAACAACTTGAGGACCAGATCACGCATTGGCACC
TATTGCGTGTAGAAAATGCTTTGCTGTACAAAGCAAGAGAATGTGGACTGACACATATTG
GCCATCAGGTGGTGCCACCTCTTAGTGTAACCTAAAGCCAAGGCACGCAATGCCATTGAAG
TGCATGTAGCTTTACAGCAATTACAAGACAGTGCCTATGCACATGAATCCTGGACATTGA
GAGACACATCACGTGAAATGTGGGACGCGGCCCTAAAGGGTGCTGGAAAAAAGAGGGA
TAACTGTGGAAGTAAGATATGATGGAGACGAATCTAAAGCCATGTGCTATGTACAATGGA
GGGATATTTTTTGTGCAGAATTATAGTGACGATAGATGGGTAAAGGTGTCAGGCCACGTCT
CACACGAGGGACTATATTACACACATGAAAATGAAAACATATTTTATGCGAATTTCAAGG
ATGACGCGTTTGTATACGGGGAAACAGGTAAATGGGAGGTGCACGTGGGAGGCAAAGTAA
TTCACCACCATGCATTTGACCCTGTATCTAGCACACGAGAAATATCCGCTCCTGGACCTG
TGTGCACCAGCAACTCCACCCACGCGCCACCAAAGCCCAGGTGGGCGCGACCGAGGAAC
CGGAACAAAAGCGACAGCGATTTCGAGGCGGTTCGACGGACAGCAGCAGCGGCAGCGACAAG
GGTCCCAAGATCCCACCCAGAAAGCCTGTGAACGAGCGGGTGGACCATTTGGACAGTGACA
GCACCCGGGTGTGTGACACTCGACGTGCATTCCCCGTCTGGCCTCCAAGTGACCCTGACT
GTGCACCTGTAATACACCTAAGAGGTGATCCTAACTGTTTAAAATGTTTATAGATATAGAT
TACATCACGGGAAAAGGAACTATACTACGGTCCACCTCCACATGGAGGTGGTCCTGTG
AATTCAGAAAATCAAGCAAGCTTTTGTAAACAATCTGGTACACAAGCGAAGCACAGCGTGCAG
AAATTTCTCAATGTTGTAAAAGTACCCCTGGCATAACAAGTAATTTTGGGTATATGTCAA
TCTTCTAATTGCTGTATTGTGACAGTGATATCCTGGATTTTTTATTTGTGTAGACTAC
ATTGCTGGGCTTTTTTTGTGCTGCTGCTGTGTCTGTTTTGGCTGAGTGTGCTTCCTGCGC
TGACGTGCTATTTGGCAATTGTGCTCTGTGTGTACCTGGGCCTGGTAGCATTGTATTTTC
AAATTGTGTCACGTATACTTCAAAACACATAGGTCTCACAATGTATCCTCTTGTATTAAG
AGATAACACTGGTGACCATACTGTATTGTTGTTTGGAGCCCGGAGATGTGTATTTACTGCT

GTGTATAATATTGTTTGTACTTATGGCATTGTTTGTTTTATATAGACACCTGGGTGTATT
GTGATATGGATGTAGACGCCTGTGCATAATCTAATGTTTTGCTGTGTGTACCCTTATGTG
CTATTGTAGCACCCCTTGTTTTTTTTTATTCTTTTGTTTTTTACAGTTAAATAAAGCAACCA
TGGTGGCACATCGTGCAAGGCGTCGCAAGCGTGCATCCGCCACACAGCTTTATAGGACCT
GCAAAGCCTCAGGCACATGCCCCCAGATGTTATCCCAAAGTGGAAGGCACCACCTTTGG
CAGATAAATTACTGCAGTGGGGTAGTCTTGGTATATTTCTGGGTGGTTTAGGCATTGGCA
CCGGGTCTGGTACTGGGGGACGCACAGGGTATGTTCCCTGTCAGTACTCGGCCTGGTACTG
TTGTAGATGTTAGTGTTCCCTGTCAAGCCACCTGTGGTGATTGACCCTGTGGGTCCGTCTG
ATCCTTCCATAGTAAATTTGTTAGAGGACTCTAGTATTGTAAATGCTGGGTCCACCATT
CTACATTTTCTGGTACTGGTGGCTTTGAAGTGACCTCTTCTGCCACCACTACCCCTGCTG
TGTTGGATATTACACCTGCTGGTGATAATGTAGTGATTAGTAGTACAAGCTTTACCAATC
CTGCATATACAGAGCCATCTCTTGTGGAAAGTTCACAGAGTGGTGAAGTGTCGGGACACA
TTCTCATAAGCACACCTACAGCTGGTACCCATGGTTACGAGGAAATCCCAATGGACACTT
TTGCTTCGTCGGGCACTGGCACGGAACCCATCAGTAGTACTCCTGTACCTGGTGTTAGTA
GGATTGCAGGCCACGCTTATATGGCAAGGCTACCACGCAGGTCAAAGTGTCAGATCCTG
CATTTCTGTCACGTCCTCCACTTTTTTAACATTTGATAATCCTGCATTTGAGCCAGAGG
ATGAAACCATTATATTTGAACGTCCGTACTCTCCTTCGCGAGTTCCGGACCCTGATTTCC
TTGACATTGTGCGTTTGCATCGCCCTGCATTGACATCTCGCAGGGGTGCTGTGCGTTTCA
GCCGTCTGGGTCAAAAGTTTAGCATGCGTACGCGCAGTGGCAAAAATATCGGGGCCCGGG
TGCAATTACCATGACCTCAGTCCTATTGCGGCCACCGAGGAAATTGAAATGGAACCTT
TACTTGCCCCAGCAGATCCTGACACTCTATATGACATCTTTGCTGATGTGGATGATGGTG
ATGTTGCCTTTACAAATGGCACTCGAAGTGTACACCGGCACGGAGCTATAGTACTGCTT
CCCCTTTGTCTCTACACTTTCAACTAAGTTTGGCAATGTCACCATCCCATTGTGTCTC
CTGTTGATGTAACTTTACATACCGGGCTGACATTATATTACCCACCTCGGCGCAGTGGC
CTTATGTGCCTTTAACACCTGCTGACACAACACATTATGTTTACATAGATGGAGGGGATT
TTTATCTCTGGCCTGTTACCTTTTACTTGTCCCGACGTCGTCGTCGTAAACGTGTTTAAAT
ATTGTCTTGACAGATGGCACTCTGGCGCCCTAGTGACAACCTGGTGTACCTGCCTCCTACT
CCCGTGTCCAAAGTTCTCAGCACGGACGACTATGTGACACGCACCAACATTTATTATTAT
GCAGGCACCTTCTCGGTTGCTTACTGTAGGTCATCCTTATTTTCTTATACCTAAATCATCT
AACAATAAGGTAGATGTTCCCAAAGTATCTGCATATCAGTATAGGGTGTTCGGGTGCGG
TTGCCTGACCCCAATAAGTTTGGCCTGCCTGACGCCCGCATATATAATCCTGACGCCGAG
CGCTTAGTCTGGGCTTGCCTGAGGTTGAGATAGGTGCGGGGCTGCCCTGGGTGTGGGC
CTCAGTGGACACCCTTTATACAATAAGCTGGATGACACAGAAAACCTCAACATAGCACAT
GGGAATGTTGGTCAGGATTACGGGACAATATTTCTGTGGATAATAAGCAAACCTCAGTTA
TGTATTCTTGGTTGTACACCTCCCATGGGGGAGCATTGGGGCAAGGGGACCCCGTGCAAT
AGGTCGGCGCCTGCACCGGGCGACTGCCCTCCTCTGGAGCTTGTGACTTCAGTTATTCAA
GATGGCGATATGGTGGACACTGGCTATGGTGCTATGGACTTCACTGCATTACAGTTAAAT
AAGTCTGACGTGCCTATAGATATTTGCCAGTCCACTTGTAATAACCTGATTATTTGGGC
ATGGCAGCAGAGCCTTATGGCGACAGCATGTTTTTTTTATTTGCGCAGAGAGCAACTGTTT
GCAAGACATTTTTTCAATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCTGACACTCTAATA
TTGAAGTCGGCCGGTGGTGACCAAAACGTTGGTAGTGCTGTGTATAGCCCCACTCCCAGT
GGGTCCATGGTAACATCAGAGGCTCAATTATTTAATAAGCCATATTGGCTGAAGCGGGCT
CAGGGGCACAATAATGGTATTTGCTGGGGCAACCAAATGTTTGTGACTGTGGTGGACACC
ACACGCAGCACAAATTTGTCCCTGTGCGTCCCTTCTGATGCCTCCACCGCCACTACGTAT
GATGCTACAAAATTTAAAGAATTTTGGAGCACGGAGAAGAGTATGACTTGCAGTTTATT
TTTCAGCTGTGTAAAGTGACTTTAACCCCCGAAATTATGGCCTATTTACACACCATGAAC
AGTAGTTTACTAGAAGATTGGAACCTTGGGTTGACTCTGCCGCCGTCCACTAGCTTGGAG
GACACTTATAGGTTCTTGTCTGCTCCTCCGCAATAACTTGTGAGAAGGAGGCACCCCCACT
GAAAAGCAAGATCCCTATGCAAAAACCTAAACTTTTGGGACGTGGATCTGAAGGATAGGTTT
ACCCTAGACCTGTCTCAATTTCCCTGGGCGAGAAAGTTTTTGTGTCAGCTAGGTGTACGT
TCTCGCTCCGCTACTCTGTGTCGCAACCGCTCGGCGACCGCCGCGTCAGGATCCACCGCT
GCAAAAAGAAAAAGAACCAAGAAATGACCCCATGTTTGTGTTTTTATGTATGTGCATATT
TGTGTATGTTGTTTGTCTGGTAATTGGTGTATGTTATGTGTACGCTTGTATGTATTTACT
GTGTATGTATTGTACTGGAATGCATGTGTGGATGTGTAAATAAAGTTTGTACATAGTTT
TATATTTTTTAATTTGTGTAATTGCTGTTCCCTGTGAGTAAGTAAGGTAGTTCTAGGTCAG

AGGACCGATTTCGGTTCAAAATGGCCGCCTTTGCAGGTGTGCAAACCACCAATTAGTCAT
ACTGATCCATATCCTGCGACCTGCCCTGTCACGCATGTGTTTTTGGCTGGCATTGTATGG
TTTCTATTATTTATTTTACTGCTGCATCATGCTTTCTGGCACGGCAAAATGTCTCCATTG
CAATTTTAACTGCTTCTGGGCACCAACTTATTATGACTACTTTTACATAATTGCTGTCTT
GGCTGCGTTTTCTAGGTTGCCCTGCCAATAAAATGTGCTTCCAAATCTCCACCAAGACAC
ACCTAATCCGGTCGCTGCTTGTCTTTCTAGCTTTAATTAATGCAGTTGCTACACGTCTCTT
TCCAACCTATAATTATAAACTA

>gi|40804520|emb|AJ620210.1|_Human_papillomavirus_type_95_E6_gene,_E7_gene,_E1_g
ene,_E2_gene,_E4_gene,_L2_gene_and_L1_gene

AACATTGTTTTCTTAATAATAGTTGGCAACAATCATCTCTTATAATAAAATATCACCGG
AAGAGATACATATAAAAAGAGAGCGGTTCTTGCAGAAATTCTCTTTCCAGATGGCAAATG
GCAGACCTACAACCTTGGACGAGTACTGCAGGAGATTTGACATTTCTTTTTTTGATTTGC
GTCTTCCTTGATTTTTTGTCTTTCATCCGGTTGATCTTGCAGAGCTTGCTTCGTTTTATA
TTAAGAAATTAAGTTTGGTTTTTAGGGGTAGCTGTTATTATGCATGCTGTTCTCAATGTT
TAAGATTAAGTGCAAAGTTTGTAGCAAGAGAATTATTTTCAGTGTTCTGTATATGCTACTG
GACTGGAAGATTTAGTAGGACAAAAAATCAGGGATATATGTGTAAGATGTTTATGCTGTC
TTAAACTATTAGACATAGTAGAAAACTTGACCTGTTATACAGTGAGGTGAGGTGTGCTATT
TAATAAGGGGTTTGTGGAGGGGCTATTGCAGAACTGTATTAAAGAAACAATGAGAGGAGC
AGCACCATCTATTGCAGATGTTGATTTAAACCTCCATGAGTTAGTTGTTCTCTGCAAATTT
GCTGACCGGATGAGGTCTTGCAACTCTCTGAGGAGGAGGATGAAGAAAGAGAGGAGGAGCT
TTTACCATTAGATAAGATACCTGTTGTTGTTATAATTGTGAAGCAAATGTAAGAATCACTTT
GTATGCTGTTGCATTTGGACTACGAGTCGTGGAACAACCTTCTTCTGGAAGGGAAGGTGAT
ATTTTGTCTGTGTTGGGTGTGCAAGAAATCACAGCAGAAATGGCAGATAAAAGGTACTGAAA
ATTTTGCAGCTTTGGAAGGGAGTAGTTGGTATTTTTGTTGAGGAAGCAGAATGCATAGACA
GCATAGATACTGTGGATGAGTTATTCGACGAAAGTACTGACGGTTCAAATATATCAAATT
TGATTGATGACGATGAAGTTGATCAGGGAAATTCCTTGGCACTGTACAATACACAAATAA
CTGATGCTTGCGAAAATGCTATAGCTGCCCTAAAACGAAAGTATACCAAAAAGTCCACAGC
AGGCAGTTGCCGAATTGAGTCCGCAGTTGCAGGCTGTGAGAATTACTCCTGACAGAAAGA
GCAAAAGGAGATTATTTGAGGACAGTGGGATTTGTGAAGATGAAGCTGAAAATTTCTGTTG
CACAGGTAGTCTCTGATAAAGAGGAAGCTGGCACAGCCAGTCAAGATGGCGCAGGGGATA
TTAACCTTTTGTATTATGCAGGACAATAACCGAAGGGCAACTATGCTTGCCAAATTTAAAG
ATTGGTATGGAGTTTCATATACTGAAATAACAAGATTATATAAAAGTGATAAATCTTGTA
GTGATAAATTGGGTGTTGTTATATTTAAAGCTCCTGTAGAGGTATTGGAAAGTTCTAAGA
TCGTCCTTCAACAGCATTGCCAATACATTCAAGTAAAGATATTTGGATTTTCTGCTCTTT
ATTTATTACAATTTAAGAGTTCCAAAAGTAGAGAGACTGTTTATAAGTTATTATGTTTCGT
TGTTAAATATACAAGAGTTTCAAATCTTAGCTGATCCTCCAAAATTACGAAGCGTTCCTG
CAGCTTTATATTTTTATAACATGCTTTGTTAACCTGAATGCTTTGTATATGGACAAACAC
CGGATTGGATCGCTAAGCAGACAATAGTGAGCCATCAGTCTGCTACAACCTGCAGAAACAT
TTGAGTTGTCAAGAATGGTTTCAGTGGGCATATGATAATAACCATTTAGAAGAATGTGATA
TAGCTTATCATTTATGCTTTATATGCAGATGAGGATGCTAATGCTGCAGCATATTTGAAAA
GCAATAATCAAGTAAAACATGTAAAAGATTGTAGTACAATGGTAAGGATGTATAAAAGAT
ATGAAATGAGAGAAATGTCCATGTCAGAAATGGATTCAATAATGCTGTAATGAATGTCCTG
AAGAGGGAGATTGGAACCAATCTCTCACTTTTTTAAAATATCAAGGTGTCAATATTCCTTT
CATTTCTTATAGTATTTAAATCATTTTTTAAAGGTATTCCAAAGAAAAATGTATTTTAA
TTCATGGACCACCAGACACAGGAAAATCATTTGTTTTGTTACTCATTGATAAAGTTTTTAA
GGGAAAAAGTAGTGTATATGTGAATAGAAGTCAATTCTGGTTGCAACCACTTATGG
ATGGTAAAAATAGGCTTTCTGGATGATGCAACATATGTGTGTTGGACATATATAGATCAAA
ATCTTAGAAATGCTTTAGATGGTAATCCTATGAGTATAGATGCTAAACATAGAGCACCTC
AACAATTAATAATTACCTCCAATGTTAATAACTTCTAATATTAATGTTAAACAAGAGCAAA
CATTAATGTATTTGTCATAGTAGGGTACAATCTTTTGAGTTCCCTAACAAAAATGCCTTTTT
TAGATGATGGTTCCTTTTATATACTTTTACTGATGCTACTTGGAATCTTTTTTCGAAA
AGCTTGGCAGACAATTAGATCTATCAGAGCCTGAAGAGGAAAAACAATGGAGTCCTTAGTC
GCACGTTTTCGATGCACTTCAAGAAGAAATTTCTGACTCATATTGAGTCAGGAAATACAAC
TTGGAATCCCAAATCAAATATTGGGAGAATGTAAGAAAAGAAAATGCTATCATGCATTAT
GCACGAAAAACAAGGGCTGACTAAATTGGGTCTTCAACCCCTTCCTTCACTTTTAGCAAGT

GAATACAATGCAAAACAAGCAATACAGATACAGCTAACATTACTATCATTATTAAAGTCG
CCCTATGCTTCTGAACCTTGGACATTACCAGAAGTCAGTGCAGAATTGATTAACACGCCC
CCTCAGAACGTTTTTAAAAAAGGGGGGGTATGATGTAAGTGTGTGGTTTGATGACGATAGA
AACAAATACAATGGTATATACAACTGGACTGCTTTGTATTATCAAGATGCAAATGAAATA
TGGCATAAAGTAAAGGGTGAAGTGGATTATAATGGTCTGTTCTTTACAGACCATACAGGA
GAGCGTGCATATTTTACATTGTTTAGCACAGATGCTGAAAGATATAGCCAGACTGGACTA
TGGACTGTGCATTTTAAAACCCAGGTTATTTCCCTCCTCTGTTGTTAGCTCTACAAACCCC
TCCTCCTTCGACTTCGAGGAACAACCTACCCGGGCCCTCCACCAGCAACACCAAACTACC
AAGCAGACGTCCCCCTCGGGGAAGGGGATCGCAGTCGAGGGAAC TACAACCATCCTCCACA
ACGTCCCCCTGAAGGGAAGGGGTACGAGTACGACGACGACGAGGACAAGGAGAATCAGGG
TCCGGGACAAGAGAAACCCCCAGCAAAAAGAAGAGGAGGAGGAGGAAGAGGAGAAAAAG
GAATTTGGATCTGCACCAACTCCTTCAGAAGTGGGATCAAGACATCGACAAGTTGAAACG
AAAGGTCTGTCACGACTTGGACAATTACAAGCAGACGCTAGGGATCCGCCAATGATTATG
TTAAAAGGCCATGCAAATTCATTGAAATGCTGGAGATATAGAAAATAACTTCAAATTCT
TGTGGCTTCCTTTATATGAGTACTGTTTGGAACTGGGTGGGGATTCCCTCAGAAAATCAT
AGTCGAATGTTAATAGCTTTCCACAGTACAGACCAGAGAGATTACTTTGTAAAGCATCAC
TTCTTCCCCAGACAGTGCACATATACATTTGGTTCTCTGAACAGCCTGTAAAATGAATTC
TGCACGGAGAGTAAAGCGAGACTCAGTCCCTAATCTTTATGCAAAATGTCAACTTTTCAGG
CGATTGCCCTTCCTGATGTAAAAATAAAGTAGAAGCTAACACTATTGCTGACCGTTTACT
GAGATGGTTGGGAAGTATCATATACTTGGGTGGGCTGGGCATAGGTACTGGCAGAGGGAG
TGGGGGCTCTTCTGGGTATAATCCACTAGCGACCCCAAGTAGAGTTACCCCTAGTGGAAC
TCTAGTAAGACCCACAGTTCCAGTAGAAGGTCTGGGCCCGGTTGAAATAGTTCCTGTTGA
TGCAGTAGATCCTGCAGGCTCCTCCATTGTCCCGCTCACTGATGTGTCTGTTCCCGAGGT
GGTTGTGGATGGCGAAGGTGGGGCAATAGATTTTAGGACCACCCGAAGATACAGGAGTCAC
ATCTCGCCCCCTGAAATATTAACAACCTCCAGACCCTGTTTCAGATGTTTCAGGTACCAA
CAGCCACCCAACAATAATTTTCAGGAGAAGATAACACAATAGCTGTGTTAGACATATCTCC
AATAGAGCCCCCACAACCGTATAGCCTTGGGCACACGTGGCCAGTCATCAACGCCACA
CATAAGTGTCAATACAGGCTCGACCGATATCGGTCACTCTTCAGATATCAATGTATTTGT
TGATGCACAGTTTTTCAGGAGATTCTATTGGTTATACAGAGGAAATCCCTTGCAGGATCT
GAACACTATCCAGGAATTTGAAATAGAAACCCCTCCAAAAACCAGTACTCCACGTGACAC
AATAGCCCGCGCAATAGGGAGGGCGCGAGAATTATATAATAGAAGAGTGCAACAAATTCA
AACTAGGAATCCCGCTCTACTAGCTCAACCTTCCCGCGCGATAGTGTGTTGGTTTTGAAAA
TCCCGCCTTTGATGCTGACATCACTCAGGTATTTTCAGCAAGATCTGGCACAAGTTGCAGC
AGCTCCTGATCCAGATTTTGTGCTGACATTGTCAACAATAGGTGCGCCACAATTTTCAGAAAC
AGAGAGTGGACAAATTCGTGTTAGTAGATTAGGACGCGAGGGGACCATACAGACTAGAAG
TGGTATACAAATTGGTCAAGCAGTACATTTCTATTATGATTTAAGCACCATTGATACAGC
AGATGCAATAGAATTGTCTACTTTAGGACAACATTCAGGAGACCAGAGTATCGTAGATGC
AATGGCAGAAAGTAGCTTGATAGATCCTTTTCGCTACACCTGATACCACTGTTGCAGAGGA
ACAGCAATTATTGGATCCTCAAACCTGAGGATTTTAGTAATTCTCATTTAGTACTAACTAC
TAGTAACAGAGGTTCAACTTTGACTATTCTTACTATTCTCCAGGAATTGGTCTACGAAT
TTATGTAGATGATATTGGTTCTGACTTATTTGTTTCTTATCCAGAATCAAGCTTAATTCC
TCCTGGAGGATTACCAACTGAACCATTTTCCCTCTGAAGCCAGCATTATTAACAGATTT
TTACAGTGATTTCACTTATTATCCTAGCTTATATCGCAAAAAACGAAAACGATCAGATCT
GTTCTGACTTTGTTTTTTTTACAGAAAAATGACGAGTTGGTTGTCTACTACTGGTAAGGTG
TACCTGCCTCCTGCACAACCTGTGGCAAGAGTTCTGGAAACAGATGAATATATTACTGGA
ACATCACTATACTTCCACGCTGGAACAGAAAGACTTTTAACTGTAGGCCATCCTTATTTTC
CCAGTGAAAGATGTAGGTGAACCTAAGAAAGTTTTAGTTCCAAAGGTATCTGGAAGTCAA
TATAGAGTCTTTAGGTTTTCAATTGCCAGATCCTAACAGATTTGCTTTGATAGATAATGGC
TTTTATGACTCTGACCATTGAAAGGTTAGTATGGCGTCTAAGAGGAATTGAAATAGGCCGA
GGTGGACCTTTAGGAATAGGAACAACCTGGTCATCCTTTATTTAATAAATATGGAGACACT
GAAAATCCAAATGCATATAAGACACCAACAGATGATAATAGACAGGATGTCTCATTAGAC
CCTAAACAGACCCAAATGTTTCATAATTGGTTGTATTCCAGCTATTGGGGAGCACTGGGAT
AAAGCTGAGGCATGCAGAGAACCAGCACCTCAGAAGGGTGATTGCCCACCTATAGAACTT
GTAAACACATACATTGAGGATGGGGATATGTGTGATATAGGCTTTGGAGCTTTTAACTTT
AAAGCTTTGCAGGATGATAAATCCAGTGCACCATTAGATGTAGTTGGTACTTTGTGTAAA

TGGCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGC
CGAAGGGAACAGCTTTTATGCAAGACACTTTTTTGTAGAGCTGGGACAATGGGTGATGCG
TTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAA
CAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTGTATCAAGT
GAATCTCAGCTTTTTAACCGACCGTATTGGTTAAACAGAGCTCAGGGAACCAATAATGGT
ATTTGTTGGGATAATCAGCTTTTTGTAACTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAACTTT
ACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAAAGCAAATGATTTT
AAACAGTATTTAAGACATATTGAGGAATTTGAAATGGAGTTTATCTTTTCAGCTTTGCAGA
GTGCCTCTTACAGCAGATGTAATGGCTCATTTGAATGTCATGAACCCAAATATATTAGAT
AATTGGCAATTGAATTTTGTTCACCCACCACCTTCTGGTATTGAGGATCAATACAGATTC
ATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAAATCCACCAGCAGAAAAGAGACCCCT
TTTAAAGATTTGTCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGTTTTTCTTCAGAATTAAGC
CAATTTTCATTAGGAAGGCGGTTTCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAA
AGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAACCTGCAACAGGCACAAAACGTTCTGCCAAACGAAAA
CGTTTATCTAAGTAACCATGTAAATACATAATGGAATGTATTATTTCTGCCAGGAAAAAG
TGCATATTGAGCCAATTATTATATAACCTATTGAAGGATAAAAAATTATAAATCTTTTAAA
TGTGAATGCAATAAACTATAACCTCCAATTACTATTGTGTCCATGCTTTGTGACTCATGTG
GTCAATATTGTGTCCGCACCCCTGATTACTTGGACTGCCTCCACATTAAGTAAGACGCTGG
CGAAGAAAAGAGACGCTCCTTATTTTGGAAAAAATATTGAATTTGGCATTATTAGG
CGGGAAACAGGACCGGATTCTGTTTCGCTATTTCCAGGAGTTAAAGGTAGGTGAAAGTTTTA
CTACACCGATTATGAGTCAATTTGTCTGGCGGCGAAGAACGAATCTGGCTGCCTGCCTTT
GCACCGGGAGTGGTTGT

>gi|40804509|emb|AJ620209.1|_HumanPapillomavirus_type_81_complete_genome

CTTCCTTTCTTTTATAATATTTTATAACAATCATACATATAATAAAGTAGGGAGGTACCG
AAAACGGTCGACCGGGAAGGATACATATAAAGCAAACCTGTATGGTCAGCACAGCAGTGA
TGTCGCTGGGGCCAGCAAATCCTACCAATTTGTTTTTGCTGTGTAAGGAGTGTGAAGTGG
ACCTAGACGACCTGCAACTGACCTGCATATTTTGCAAAAAGGAATTAACAGTAGGTGAAT
TGCTGTCTTTGCAATAAGAGAGCTAAACTTGGTGTGGCGAAAGAACTGGCCATTTGGAG
TATGCGCAGCGTGCTTGTGCAGAGAAGCTAAAGTACGGGAGCTGCGGCGGTGGCAATATT
CGTGCTTCGGACCAACAGTAGAAGAGGAGACAGGGCAACCGCTTGACAAAATATATATAC
GATGCCATGCATGCTATAAACCGTTAACATACCAAGAAAAGGAGTATCTTGTGACAGGCC
TAATCCACTTTCATAAAATAGCTGGAGAGTGGATGGGAAAGTGCTGCCATTGTAGAGGAG
CATGCATGGCCAGGCAGCAACGATAAAGGACATTGTCTTAGATGAGTATCCTGATGTGAT
TGACCTACATTGCCACGAGCAATTGCTAGACAGCTCAGAGGAAGAGGTGGATGTGGATGA
TAGGGACAGTGGTGAGCAACTAGTAGAACAAGCACAGCAGGCCTATAGGGTGGTTACTAC
GTGTGGTATTTGTAGGTGTTTAGTTAGGCTGGTGGTGTAAAGTGGAGACGCAGACCTGAG
GCTGCTGCAACAACTACTGACGGATACACTGTCCATAGTGTGTCCTGGCTGCGCATAAGT
GACATGGCTGATGTGGAAGGTACAGAGGATGGGGACGGGGCGGAGGCCGCGGACAGGGCG
GGAGGGTGGTTTATGGTGGAGGCTGTTGTAGAAAAAACACAGGGTATCAGGAATCAAGT
GATGAAGAGGAAGATAGTGCAGATACAGGAGAGGATCTAGTAGATTTCATAGATACACGA
TATCCAGGGGATGGGCAGGAAGTGCCGTTAGAAGTGTGTTCAACAAAATGCACAGGAT
GACGCTGCAGCGGTGCATGCACTAAAACGAAAGTATATACATAGTCCCGCTGCAAGCTCG
TGTGTGTCTTGGGTGGACCATGAACTAAGTCCCTCGGTTGGACGCCATAAGCCTAGACCGG
GGGCACGAAAGGGCCCGAAGGCGGTTGTTTGACCAGGACAGTGGGTATGGCCATACGCAG
GTGGATATTGGAACATCCGAAGGACAGGTACCGGGGGACGTGCAACAAACAGTAGAAAAT
GTAGAGCAGGAAGTGCCGGAGGAAGTGCGGGGGGGGGGGGATGGGGAGCCTGCACCTACT
GTGCATTTACAACAAACCCAGGAAGGTACAGCAAGTATAGTAGAGCTGTTGAAGGCCAGA
AACTTGCGAGCCACGTTGCTAAGTAAGTTTAAAGGAATTGTATGGGCTGGCATTGGGGGAG
CTGGTAAGACAATTTAAAGTGATAAATCAACATGTACAGATTGGGTGGTATGTGCATTT
GGTGTGTATTATGCAGTGGCGGAGGCCCTAAAAACATTAATACAACCCTGTGCCATTAT
GCGCATATACAAACGCAACAAGCCAATGGGGCATGGTGCAGTTAATGCTAATTAGATTT
AAGTGTGGCAAAAGTAGGGACACAGTGGCGCATTGTATTGGAACATTACTAAATGTATCA
GAAAAACAAATGTTAATAGAGCCACCAAAAAATTTAAAGCACGCCATGTGCATTATACTGG
TATAAAACAGCAATGGGAAATGCAAGTGAAACAGTAGGGGAAACACCAGAATGGATAGTA
AGGCAACAGTTGTGGGACATGCAATGCAGGAAACACAGTTTAGCCTGTCTGTAATGGTG

CAGTGGGCATACGACCATGATATAACAGATGAAAGCCAGCTGGCATATGAGTATGCATTA
CTAGGCCATGAGGACCCTAATGCAGCTGCCTTTTTTAGCAAGCAACTGCCAAGCCAGGTAT
ATAAAAGATGCCATTACCATGTGCAGACACTACAAAAGAGCCGAACAGGCACGCATGTCT
ATGGCACAGTGGATAGCACATAGAAGCCTAAAGGTACCTGATACAGGGGATTGGAAACCA
ATTGTAAGGTTCCCTAAGGTTTCAAAAAATAGAATTTATGACATTTATGGGTGCATTTAAA
ATGTGGCTAAAGGGAATACCAAAAAGAAGTTGCATAGTTATACATGGGCCAAGTGATACA
GGCAAATCATTGTTTTGCATGAGTTTAGTGCAATTTCTAGGGGGTGCAGTTATTTCCCTAC
GTAAATGCATCAAGTCATTTTTGGCTATCACCATTAGCAGATGCAAAGGTGGGACTGTTA
GATGATGCCACACACCCCATGTTGGGTGTACATAGATACACATTTACGTAGTGTGGTAGAT
GGTAACTTAATAAGTATGGACAGAAAAATAGGAATTTAGCACAACTAAAAATGCCCCCA
TTACTGATTACAATAACATAAATCCATTAGAAGACGTTACCCTAAAAATATTTACATAGT
AGAATGGCAGTGTTTTAGCTTTATGTACAAGTGTCGGTTAGATGACAATGGGGACCCAGTG
TATAAATTTAATAATGAAAACCTGGAAATCATTCCTCCAAAGGTCTGGGCACGTTTAGAG
GTTAATCCAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGAATGGCAACACTAGCCGACCGTTT
AGATGCATGCCAGGAGACGCTAATAGACCTTTATGAAAAAGATAGCAACAAGCTTGAGGA
TCAAATAAAGCACTGGCATTGCATACGTCTGGAAAATGCTATATTGTTTAAGGCAAGACA
AGCAGGACTTACACACTTGGGCCACCAGGTGGTGCCAACACTTAATGTTACAAAAGGAAA
AGCCCACCAGGCTATAGCAGTGCATTTATCGTTACAAAGTTTATATGCAAGCGAGTATAA
AGATGAACCATGGACACTACAAAACACGTCCTGGACATGTGGAATACACAGCCAAAGGG
ATGTGGAAGAAAAAGGACGAGTAAACAGTAAAATATGATTGTGAGGACTCCAAAAA
AATGGAGTATGTAACTGGGGGCATATATGTGCAAAGCCACATACAGAGCAATGGCA
CAGGGTGCATGGACAGGTGAGCTACGACGGGCTGTACTACGAACTGGAGGGCCACAAACA
GTACTATGTGCAATTTGCACAGGAGGCCAGAAAATATGGGGAGCACAAACAAATGGGAGGT
ACATTGGGGTAACACAGTAATTTATGAACCATGCAACTCTGTATCTAGCACCCAGGACAC
CCTGCGAGAAGTATCCCCTGCTGAAGCTGCTGACCGACTGCTGCACGCCCCCGAACCCGC
CACCAGTACCCAGCACGTGGGCCCCGCCAAGACCACCAAGGCCCCAGTGCAAGGCGCCGCC
TTGCAAGCGACAGCGAGTCAACCGGGACGGAGGGCGGCAGCCCGACACTGCACCACCGAA
CATCTGGGTGGACAATAACAAATCAGGGGCCGACGGTTACCCTCACAGCACAGAAACACG
GAACTTCAGTGACGGTGACACTGCACCTGTAATACATTTGCGAGGTGATGCAAACAAATT
AAAGTGTCTTAGATATAGACTACGAAGCTCTGTACCACATTTATTTGTAAACGCGTCCTC
CACATGGCATTTGGACCTGTGGAGAGGCAACGCAAAAGTGTGCATTTGTAACAATATGGTA
TGCTAATGAAGACCAACGTGCTAAATTTTTTACAACGTGTGACAATACCAAAGGGCATACA
AGCCATGCAGGGCTTTATGTCTATGTGTTTGTAAAAACATATTTGTGTATAAATGTGTAC
TGTAACATACATATGTATATGGTGAAATGGTATAGTGAACTTATTGTTCTTGCTGTATT
TGAGCCAGGTTTATACATTGTGGTACCACACCTGCATTGTGCAACCGTTATATAATAATC
CTGGATGACCTGTTGTGTTTAAATATCTGGGTGGTGTATGTGCTTTTGCTGCTTATTCTA
TTCTGGCTTTCCCTATCTGTCTGCCTTAACTGCATTTGCTGTGTTTTTTTGTATTATATAT
ATTGGCCTGTTGTGTGTGATTTGCAGGTTTTGTGGTACATAGGCAGTATATAAACCAC
CAACCAACCAGCCAATCACTGCTGCTACAGTGTATATAGGTAGTTAGTATGTATCCTGTT
ATGGTCCGCACCCATACTGGGGGCACAGATATAGTGGTGTGTTGACATGGATAATAGTGGG
TTATGGTTTTTTGTTGTGTATTATACTTGCCCTAATACTTTTTGTAGTGTATAAACTGTTA
CAACTGTAACCTGCACATTGTTTTGTACTATAATTTTGCTACATATTTTTTAATAAATACA
TTGTATACTCTATTGTATACCATGCCAAAGGTATTGCACCGTCGCAAGCGTGCATCTGTC
ACAGACCTGTACCGCTCCTGTAAGGTATCTGGGACATGTCCCTCCGATGTAGTACCAAAG
GTTGAGGGTAATACATTGGCAGACAAAATATTAATAATGGGCCAGTTTAGGTGTTTTTTTT
GGGGGTCTTGGAATTGGTACGGCCTCTGGCTCCGGTGGACGCACGGGCTACATCCCTATA
GGTGGCCGTCCCCCTCTGTAGTTGATATAGGTCCTGTGTCCCGTCCCTCCTGTAGTTATT
GACCCGGTGGGGGCGCGGATCCTTCTATTGTTACTCTTGTAAGAGGAGTCCAGTGTATT
GAGGCTGGGGCCACACCTCCCAACTTTACAGGGACTTCTGGGTTTGAATTACCACTTCC
TCTACTACCAACCCCTGCTGTCTAGATATTACTCCACAGGTACTACAGTGCAGGTTAGT
AGCACTAACTTTTTAAATCCCTTATATACTAGCCTTCCATAATTGACCTCCTCAAACCT
GGGGAAATCACAGGCCATGTTTTTACAAGTACACCCACTGCTGGGTCCCATAGTTACGAG
GAAATACCTATGGTAACCTTTGCATCTAATACTGGTACTGGTGGTGAACCCATAAGTAGT
ACACCTATGCCTGGTGTACGCCGTCTTGCAAGGGCCCCGCCTTAGATTATATACCAAGGCG
ACCCAACAGGTTCTGTACGTGACCTGCCTTTGTATCCCATCCTGCATCTTTTGCAACA

TTTGACAATCCTGTGTATGATCCAGAGGAACTATTATTTTTGAACATCCTAGTATATAC
CAACCACCTGATCCTGACTTTTTTGGACATTGTTCAATTGCACAGGCCTGCTTTAACTGCC
CGACAGGGTACTGTTCCGGTTAGTCGTATTGGTCAGCGGGCCTCCTTACGTACCCGAGT
GGTAAACATATTGGTGCTCGGGTACACTTTTATCATGATATTAGTCCTATACCCACGGAG
GCTGATATTGAGCTACAGCCCTTGCTGCCACCTTCCTCTGTGTCTTCTGCAGATGCCCTT
TATGATGTATATGCAGATGACCAACATTTAGATGCTGTTTTGCAGTCTGTGCCCTCTTTG
TCTTCCAGGTCCTCTGTTTCAGGCTCTGCCACTTTATCTGCTACCTCTGTGGCCTCCTCA
TATAATACCACCGTTTCCTTTGTCTTCTGGGTTTACCATCCCTGCCTCTACTGGGCCTGAT
GTAGAATTGCCCTTATGCTCCTTTAGCCCCCTTCTATAGTCCCTTCGTTTTCTTGCAACTACC
CCGTACGCCATATATGTTGTTGGCACTGATTTTTTACTTGTTCCTTCTTATATATTCTTC
CCTAAAAACATAAACGTATTTACTATTCTTTTACAGATGGCTATGTGGCGGCCTGGTGA
CGGCAAGGTATACCTGCCTCCCACACCTGTGTCTAAAGTTATCAGTACGGACGCCTATGT
AACCCGCACCAACCTTTTTTATTATGGGGGCAGTTCCTCGCCTTCTTACTGTAGGGCATCC
ATATTGTACATTAACATTTGGTACCCAAGGAAAGCGTTCCACTATTCCCAAGGTGTCTGG
GTATCAGTACCGGTGTTTCGTGTGAAGCTCCCTGACCCTAATAAGTTTGCTTTACCTGA
TGGTACCTTATATAACCCAGACACCGAACGCATGGTATGGGCTTGACGGGGCATTGAGGT
AGGCCGCGGACAGCCTTTGGGCGTAGGTACTAGTGGTCACCCATTATATAATCGCTTGA
TGATACAGAAAACTGCTTATTTGGCTGCTGCCAGTGAGGACAGTCGTGACAATATTTT
AGTTGATTATAAGCAAACATTTATTAATTATTGGTTGCAAGCCCCCATTTGGGGAGCA
CTGGGCCCCGGGTACCTTTTGTGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTT
GGAGTTTTAAAAATACAACATTGAGGATGGGGACATGGTGGAACTGGCTATGGGGCCAT
TGATTTTTAAGGCCCTGCAGGAAAATAAATCGGAGGTGCCCTTGATATTTGCAATACCAC
CTGTAAGTATCCAGATTATTTACAAATGGCTGCTGAGCCATATGGGGATTGCATGTTTTT
TTGTCTACGTCGGGAGCAAATGTTTGCAAGGCACTTTTTTAATAGACATGGCACTATGGG
CGAGGCCCTTACCTGCAGACTTATATATGAAGGTGCTGCAGGCAGTGACAGAATAACCCC
CGGGAGTTATATTTATGCCCTTACACCTAGTGGGTCTATGGTATCCTCTGATTCCCAGCT
GTTTAATAAGCCTTATTTGGCTACAACGGGCACAGGGCCATAATAATGGCATTTGTTGGTT
TAATGAAATGTTTGTTACAGTGGTGGATACTACCAGAAGCACCAATTTTACTATTTGCAC
AGCTACATCTGCTGCTGCAGAATACAAGGCCTCTAACTTTAAGGAATTTCTGCGCCATAC
AGAGGAATATGATTTGCAGTTTATTTTCCAATTATGTAAAATACAGTTAACACCAGAAAT
TATGGCCTACTTACATAATATGAACAAGGCACGTGTGGATGATTGGAATTTTGGTGTGTT
GCCACCTCCTTCCACCAGTTTAGATGACACATATCGCTTTTTTACAGTCTCGGGCCATTAC
CTGTCAAAAGGGTGCTGCTGCCCCCTGCGCCCAAAGAGGACCCTTATGCCGACATGTCATT
TTGGACAGTTGACCTTAAGGACAAGTTGTCTACTGATTTAGATCAGTTTCCTTTGGGTG
CAAGTTTTTTGTTGCAGTCTGGGTCCCGCACCCGGTCTTTTGTGTGTCCCGTAAGCGTCC
TGCGTCTGCCAGGACCCCCACTACCTCTGCTAAGCGAAAACGTAAAAAATAGTAGTATGC
TTGTTTGTGCTGTGTGCTTGTGTGTATGTATTTGCATTGTTTTGTGTTGTTGTATTATA
TGTGCTTTGTATGTTGTGTTGTATTTATATGTGTATTGTATGCGTGCTGCCCTTTTGCCC
CTACACTGTTGTTGTATATTTGTGGAATGTGTGTGTTGTGTATACATTATTAATTTGTG
TGTCACACTATGTAGCATGTCCGGTGACCCCTGTGAGTAAGTGTGTGTGTGTTGTTTAT
GTGTTTGTACGCCCTTGACACTTTGTATTTCCCTTACCCTCCTTGAGTAGTGCCCTCCAT
TTTACATACCTCCATTTTAAACCGAAACGTTGCAGGACCGTTTTTCGGTCGCCCCGCTTTT
CGGTTTCAATAGTGGCACATTGCCCACTGTACACAAAGCGTTTTTAAATCCTTAGGCAAC
TCATTTCTGCATTGGCAGCATGCTCTGTTCCAAACCTGGGTGTGCCTGACACATTGTTG
GCTTTCTAACTGTTTTGCACACAATTTATACATTTCACTTACTCATTTTGCAATAAAAC
TGCTTTTAGGCACATTCTTTGTGCTGACTACTATGTGGTAATTGCTGGTTTGGCTTTTTT
ACATGTTTACACGCCAACAAATATGTCATGTAACTTAGGCAAGCTTTGTGCAACCTGT
TAAACATACCAGGTGCACGTATGTGTAAGC

>gi|40804474|emb|AJ620205.1|_HumanPapillomavirus_type_43_complete_genome
CTAACAAATTATTATACTTTAGTTTAAGGTGGGACCGAAACGGTCCGACCGAAAGCGGT
ACATATATAAACCAACCAAAAAACCATAGCTTGTGGGGCATAATGACTGCACGTAGCTGCT
CCCAAAACGCACGGACTATATTTGAGTTGTGTGATGAGTGTAACATAACTTTGCCTACTC
TGCAAAATTGGGTGCATATTTTGCAAGAAAGTGGTTACTTACCACGGAAAGTATTATCGTTTG
CATTTAGAGATTTAAAGGTTGTGTGGCGCGACGGATATCCGTTTGCTGCATGCTTGGCCT
GTCTACAGTTTTCATGGAAAAATAAGTCAATATAGGCACCTTGACTACGCAGCATATGCAG

ATACTGTAGAAGAAGAACTAAGCAAACAGTGTTTGATTTGTGCATTAGATGCTGTAAGT
GCCACAAGCCATTATCACCAGTGGAAAAAGTACAGCATATTGTGCAAAAGGCACAATTCT
TTAAAATACATAGCGTGTGGAAAGGATACTGCCTACATTGCTGGAAATCATGCATGGAAA
AAAGCCGACGATCAGAGACTATGTGCTAACTATGCAACCAGAACCTAGAAGCTTAACCTG
TAACGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAGGATGAGCGTGAGCAACCCACGCAACAGGA
CCAGCAAGTGAATCTACAAGTTTACAGAGTTGTAACAGAGTGCACATCCTGTCGTGTGT
AATTTCGACTTGTGTGTCAGTGCTCTGACAGTGACATCAAGAAGCTAGAAGACCTGCTGTT
GGGCACATTA AAAATTGTGTGCCCACTGTGTACCACCACAGCGGTGTGACTACCATGGCT
GATAAAACAAGGTACAGAGGATGAGGGGTGGGATGCTCAGGCTGGTTTATAGTAGAGGCA
ACAGTGGACAAAACAACAGAAAAACAATATATCGGAAGATGAGATTGAGGACGAGGAAGAG
GAAGATAGTGGGTTTGATATGGTAGATTTTATTAATAATACATTAGAAGACAGTTGTACA
GACCACAGCAGTGCGCAGGCTCTGTTAAATGCACAACAAGCGGATGCTGATGCTGCTATA
GTGCAGGAGTTAAAACGAAAGTACATGAGTCCCTATGTAAGTCCTATACACTGTTTACAG
GAATCTGTAGACAGAGATCTAAGTCCCAGGTTGCATGCAATAAAGATTGGAGGCGGACAA
AAAGCAAAAAGGAGACTGTTTCACGTAACAGAGCAGCGGGATAGTACCAATGGCAATACT
GAAGTGGAAAGCAAGAGAGACACAGGTAGAGGTGGAATATGGCGGACCGGAACGCCATATG
GGGGCCAATAAAGGGTGTGGGAGGGGGAGTAGTAGTGTGGCGGAAGCTGTAGAGGTTGTA
GAGGAAGCGGGTGCAACAAACAGTAGCCAAGACATAGGAGAGCCAAGCCACGCACGCGT
ATAATAGAATTGTTTAAAGACAAGGATGTTACTGTAAAACGTTAGGTAAGTTTAAAGAA
TTATTTGGTGTTGGGTTTAATGATTTAGTTAGTAAACAAATTTAGGAGTGACAAATCAACATGT
ACCGACTGGGTATATAGTGTATTTGGTGTTAATCCATCCATATCAGAAGGATTTTCACATG
TTATTA AAAAGAGCATACCTTATACCTACATACCCAGTGGGTGACCTGTAGATGGGGAATG
GTATTGCTTGCATTATGTAGATATAAGGTTGCAAAAAATAGAAGTACAATAGTAAGACAG
CTAGCACAAATGTTAAATGTGCCTGTACAACAAATTTTAATTCAACCACCAAAATTACAA
AGTGCACCTGCAGCACTATTTTGGTTTAGGTC TAGTATGGGAAATGGTAGTGAGGTAACA
GGCACAACACCAGAATGGATAAGCAGACAAACCATGCTGGAACATAGTTTTGCAGATACA
CAGTTTAGTTTAACTGATATGGTGCAATGGGCATATGATAACGGATATACAGAGGAATAT
GATATAGCATATTATTATGCACAAAGAGGTGATATAGATGCAAATGCAGCTGCATTTTTTA
AAAAGTAACATGCAAGCTAGATATGTTAGGGATTGTGCATGCATGTGCAACATTACAAG
TTAGCAGAAATGAAAAAATGTCAATGGCGGAGTGGATTAAACATAGAGGGGGGAAGTGT
AATGATGGAGACTGGAAACCTATAGTAAAAATTTTTAAATATCAACATATAGACATTATA
GCATTTCTAGGTGCTTTAAAAAATGGTTACATGGTATACCAAAAAAGAATTGCATTTGC
ATAATAGGTCCGCCGGACACAGGCAAATCATGCTTTGGAATGAGTTTAATGAAATTTTTTA
GGCGGTACCATATTATCATATGTAAATGCAAGCAGCCATTTTTTGGTTACAGCCATTAGTG
GATGCAAAAGTGGCCATGTTAGATGATGTTACAGCAGGCTGTTGGACATACATGGATATG
CATATGAGAAACCTATTAGATGGAAATCCTACAAGTATTGATAGAAAGCATAGAGCACTC
ACAGTAATAAAGTGTCTCCATTATTGCTAACATCCAATTTGGATATTAGTACAGAAGAC
AAGTATAAATATTTAAGAAGTAGAATTACAACATTTACATTTCCTAATACATTTCCATTT
GATACTAATGGCAATGCCATTTATGAGTTAAATGATGAAAATTGGAACTCCTTTTTTTAAA
AGGTTGGCATCAAGCTTAGAACTGGACACTGCAGAGGACGAAAATGGAGACACTAGCCAG
GCGACTAGATATGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTATGAAAAAGACAGCAAACTCT
GGAGGACCATGTGTTGCATTGGAATATATACGTTATGAGTGTGCATTATATTATAAAGC
AAGAGAGGCGGGCATTAACATCTAGGCCACCAGGTGGTGCCACAGCTAGAAGTATCAAG
ACAAAAAGCATATTTGGCTATTGAATTACAAATGTCATTAGAAGCATTATTACAACTGA
ATATAGCCTAGAACCGTGGACACTACAGGACACCAGTCAAGAAGTGTGGCTTACAGAACC
ACAAAAATGCTTTAAAAAAGAGGACAGACAGTAGAAGTCAGATATGACTGCAATCCTGC
AAATGCAATGCATTACACCCTATGGTCAGACATATATGTACCTTTGAATAGCACATGGCT
AAAAGTTTCTGGCCATGTGGACTATGAAGGCCATCATACACAGTATGTGGGCAAAAGCA
CTATTATGTAGAATTTCTATAAAGAGGCACGAACGTATGGGGAACTGGACAATGGAACGT
TGTTATGGGCTCAAACGTATATATTCTCTGCATCTGTATCTAGTACCGTCAGTGAAGT
ATCCTCTGTTGCGTCTACTGAATCTGACACCGGACCAGCGACCACCGTCCCAGATTCCAC
GTGCACCCAAAAAGCAGACTGCCAGGAGCAAGCGCCGCTAGAAAAGCGAGTGCGATTTCGA
CCCCCACACTACCCCGATCGCCGACTTGGCCAGAACTGTTGGAAGAGGGTCAGTGGACAG
TTCAGACTCGCGACTCGTGCCTAAGCATACGGACCACCACCCTAGAGGGCACAACCGTGG
AAGTCACACTACGCCTATAATACAGTTACAAGGTGAAGCAAATGCACTGAAATGTTTTAG

ATACAGATTGAATAAACATAAACATTTGTTTGCTGATGTGTCATCCACATGGCGATGGAC
AACCGAGTGTAATAATAAACTAATACTGCATTAATTACATTAACATATATTAGTGAACA
ACAGAGGGCTGACTTTTTGTCTCGTGTTAAAATACCTATAACTATTAAACAGTGCCTGGG
AGCATTAACAATGATGTAAATCATGTATGTATGTATATTTGTATAGAGGAACTGTA
ACTGTGATAAAAGGGGGGGTATTGTACCCCAACCACACAACCAGCCAACCTGCTGCTATT
ATTGTTTATAGATGACAAGCTTGGCATATTAACACTTAACATTTTTATTGCTTCTTGC
TGTATTGGTGTGCGCATGGGTAACGGACAACGTGGTGTGGGCTTCTGTGCTTGCATGTGC
TTCTATCTTTTATTTTTTGTCTTGGGGCGTCCTTACATCACCTATTAACGTTTTTATATT
GGCGTTGTTAGTGTGGTATTTGCCAGCCCTTTTATTGCATTGGTATATTATATCTGCTAT
TGCATAACAGTAAATATGTTAACCTGTACATTTGAAGATGGTGATACATGGATGTTTTTA
TGGTTACTTGTAACAGTTATAACTGTATTAATATTGGTGTAGCGTTTCATTACAGAACA
CTTAAGTTGCATCAGTCCTCCAGCAAATAAACAAATCCTTTATATAATCACTTGTAACAT
GGTGTCTCATACATAAAAGGCGCAAACGGGCATCAGCTACACAATTATATCAAACATG
CAAGGCTGCTGGCACATGTCCCTCGGATGTAATTAATAAGGTTGAGCATACTACAATAGC
AGATCAGATATTAATGAGGCGAGCATGGGAGTGTATTTGGAGGGTTGGGTATTGGAAC
AGGCTCAGGAAGTGGAGGCAGAACAGGCTATGTCCCTCTAACAAACAGGTCGTACGGGTAT
TGTCCCTAAGGTGACTGCAGAGCCTGGAGTAGTGTACAGTCCTCCTATTGTTGTAGAATC
TGTTGCTCCAAGTATCCTTCTATTGTGTCTTAATTGAGGAATCAAGCATAATTTCAGTC
CGGGGCTCCTATTACCAATATTCCATCACATGGTGGCTTTGAGGTAACCTCCTCTGGATC
AGAGGTTCCCTGCAATTTTAGATGTTTTCCCATCTACTTCAGTGCATATTACTACATCTAC
ACATTTAAATCCTGCATTTTACTGATCCTACTATTGTACAGCCAACCCCCCAGTTGAGGC
TGGGGGACGTATTATAATATCTCACTCCACTGTTACTGCTGATAGTGTGAACAAATTCC
TATGGATACGTTTGTATACACAGCGATCCTACCCTAGCACACCTATTCCAGGCCTGC
CCCACGACCTCGTTTTGGGCCTGTACAGTAAGGCATTGCAGCAGGTGGAAATTGTTGACCC
TACATTTTTGTCTCGCCACAACGTTTAATTACATATGACAATCCTGTATTGAGGATCC
TAATGCTACATTAACATTTGAACAGCCTACAGTACATGAAGCTCCTGATTCTAGGTTTAT
GGATATAGTTACTTTACATAGACCTGCATTAACATCCCGACGAGGTATAGTTAGATTTAG
TAGGGTGGGTGCGCGCGGTACTATGTATACTCGCAGTGGTATACGTATTGGGGTCTGTGT
ACACTTTTTTACAGATATTAGTTCCATACCCACAGAGGAATCAATAGAATTGCAGCCCCCT
AGGACGTTCCAGTCCTTTTCTACTGTTTCTGATACTAGTGATTTATATGATATATATGC
AGATGAGAATCTGTTAAATAATGATATTAGTTTTACTGACACACACGTGTCCCTACAGAA
TTCTACTAAGGTTGTTAATACAGCTGTGCCACTTGCAACTGTACCTGATATTTATGCACA
AACGGGGCCTGACATAAGCTTTTCTACTATTCCTATTTCATTTCCATATATTCCTGTGTC
CCCATCTATTTCCCCTCAGTCTGTTTCCATACATGGCACTGATTTTTTATTGTCATCCTTC
ATTGTGGCATTTGGGCAAACGCCGTAAACGCTTTTTCATATTTTTTTTACAGATAACTATGT
GGCGGCTTAATGACAACAAGGTTTACCTGCCTCCTCCAGGGCCTATAGCATCTATTGTGA
GCACAGATGAATATGTGCAACGCACCAACTTATTTTATTATGCTGGCAGTTCACGTTTGC
TTGCAGTGGGTCACCCATATTTCCCCCTTAAAAATTCCCTCTGGTAAAAATAACTGTACCTA
AGGTTTCTGGTTATCAATACAGAGTATTTAGAGTTAAATTGCCTGACCCTAATAAATTTG
GCTTTTCAGAAACAACACTGGTTACATCAGACACTCAGCGTTTAGTCTGGGGATGCGTAG
GAGTTGAAATTTGGTAGAGGACAACCTTTAGGTGTTGGAATAAGTGGCCATCCGTATTTAA
ATAAGTATGATGACACTGAAAACCCGTCTGGGTATGGCACATCGCCGGGACAAGATAACA
GAGAAAAATGTAGCAATGGATTATAAAACAAACACAGCTGTGTATTGTTGGCTGTACACCTC
CTATGGGTGAATATTGGGGTCAGGGTGTGCCTTGCAACGCATCAGGTGTTACCCAAGGTG
ATTGTCTGTAAATAGAATTAAAAAGTGAAGTTATACAGGATGGTGACATGGTAGATACAG
GATTTGGTGCAATGGATTTTGTCTCCCTACAGGCCAGTAAAAGTGATGTACCTTAGACC
TGGTTAATACTAAAAGTAAATATCCTGATTATTTGGGAATGGCAGCAGAGCCTTATGGGA
ATAGTTTGTTTTTTTTTTCTACGCCGGGAACAAATGTTCCCTTAGACATTTTTTTAATAAAG
CTGGTAAAACCTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGT
CCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTACACCCAGTGGGTCTTTGGTTACTTCTGATT
CTCAATTGTTTAAACAAACCCTTATGGATACAAAAGGCCAGGGACATAATAATGGCATTT
GTTTTGGGAATCAGTTGTTTGTACAGTGGTAGATACCACTCGTAGTACAACTTAACGT
TATGTGCCTCTACTGACCCTACTGTGCCAGTACATATGACAATGCAAGTTTAAGGAAT
ACCTGCGGCATGTGGAAGAATATGATCTGCAGTTTATATTTCAATTATGCATAATAACGC
TAAACCCAGAGGTTATGACATATATTCATACTATGGATCCCACATTATTAGAGGACTGGA

ATTTTGGTGTGTCCCCACCTGCCTCTGCTTCTTTGGAAGATACTTATCGCTTTTTGTCTA
ACAAGGCCATTGCATGTCAAAAAAATGCTCCCCCAAAGAACGGGAGGATCCCTATAAAA
AGTATACATTTTGGGATATAAATCTTACAGAAAAGTTTTCTGCACAACCTACCCAGTTTC
CCTTAGGGCGCAAATTTGTTATGCAGGCGGGTTTGCCTCCCAAACCTAAATTAAAAACTG
TAAAGCGTTCTGCACCATCCTCCTCTACGTCTGCCCCTGCCTCTAAACGCAAAAAAATA
AGCGATAACATATGT
GTATGGT
GTTGCAATGACAAATAGAAATGTTTGTGTGTATATGTGTATGTTGTATACATTAATAAAG
ATGTTTGTGTGTGGTGTGGT
TGTTTATTACCTTTTCTTTTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
TTTAGTAATGGTTACTGTTGTGGGTATGTAAAATGGCGTCTGAACGTCTTCCATTTTGT
TTTGCAACCGATTTCGGTCGCGTTTGGCACCCCTATTTCATGGTGTGAGCATAATTGCAA
AGGTTACTGTGCCCCGCCAAAATATGTTGGCACACTTTTATCCCTTTGGCGTCAAGGT
GTGGCTTCTACGCCCACATTCCACTTTTACTATACAAATGTACCTTTTCACTCTATGT
TTTATTACCTTTTATTCTTTTGTGACATATATTTGTTTTTTCATAGTTACTAATAGCTT
TTTTGGCTCACATAAATGAACTGCAGTCATAAAATATGTATGAGTAAGTGTGTGGTAAG
CACACCTGCAGACCGAAACCGGTCTTACACACCTTACATTCTTTGTGGTTATTA

>gi|14475578|emb|AJ400628.2|_HumanPapillomavirus_type_87_(candidate)_complete_g
enome

CAACATCATCTATTTTTAAAAATAAGGAGGACCGAAAACGGTACGACCGAAAAGGATACA
TATAAAGGGGCCACAGGGCGGTGTATGTGCAACGGGACAGTCATGCCCAACGGACGCT
ACACACCTACCAATATCTTTTGTCTATGTCAGGAATATGAGGTGGACTTTGACAACCTAA
GGCTGCTTTGCATTTTTTGAAGGAAGAATTAACAGAAAGCGAATTGCTGGCGTTTGCAT
TAAGGGAATTATTGCTGGTGTGGAGATTTGGATTTCCTTATGGAGTGTGCCTACAATGCC
TATTTCAGAGAAGCCAAGAAACGTGAGCTTCGTCCTGGGAGTACTCCAGCTACGGACCCA
CAGTAGAAGAAGAAACAGGTGTAGCATTGGCACTTCAAAATATAAGGTGCCATGCATGCT
GCAAAACATTGTGCTGGCCCCGAGAAGGAGCATATGATACACGGAATCTGCCTTCCACA
AAATAGCTGGGAAGTGGACAGGAAAGTGCAGCAACTGTAGGGCAATATGCATGGCCAGAC
GCCGACTATAAAAGATATTATTATATCTGAAATTCCAGATGTAGTTAACCTACATTGTGA
CGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAGGAGGACAATAGGGATTGTGTGCGTGACCAACC
TGCAGAACCAGCACAGCTGGCCCATAGGGTGTAAACAGAGTGTGGGTGTGCAGACGTCC
AGTTAGGCTGGTGGTGTCTTTGTGGAGCTGGAGACCTAAGGCAGCTACAGCAGCTTATGGT
GGACGCGGTGGCCATTGTGTGTCTGTTGTGTGCATAACATGGCAGAGTCACCTGAAGGTA
CAGATGAGGGACCGGGGGGGGGCAGGGAGGTGGTTTGTGGTGGAAAGCCATGGTACATCA
CACAGCTAATACAGATGTGTCCAGTGATGAGGACGAATCAGTAAGTGATAGGGGAGAGGA
TATGGTAGACTTTATAGATAATACAAGACATCCAGGGGACGGACAGGAAGTGCCGTTAGA
CCTTTATGTTCAACAAACAATGCAGGATGACGCTGCAACGGTGCATGCCCTAAAACGAAA
GTATATTGGAAGCCCGGCAGCTAGATCCTGTGCATCCTGCGTGGATAATGAACTAAGCCC
ACGTTTGGATGCAATATGTTTACAGAAAAGGCACGACAAAGCCAGGAGAAGGTTGTTTGA
ACAAGACAGTGGGTATGGCAATACGCAGGTGGATATTGGAACATCCGAAAGCCAGGTACA
AGGGGAACAAAACAACAGTGGGGGGGGCGACGTAACACAAGACGTGGTAGAGGAGGAACG
AGGGGGGGGGGATGGGGAACCGCAACCACATGTAAATACAGAGCACATACAGCAGACAGA
GGGCACACCAGACGCATTAGACCTGTACAGGTTAGTAACCTACGGGTAAAGCTACTAGC
AAAGTTTAAGGAACTATTTGGGTATCATTTATGGATTAGTAAGACAATTTAAAAGTAA
TAAGTCAACGTGTGGCGACTGGGTAGTAGGGGCGTTTGGGTGTATTATGCAGTTGCAGA
AGCAGCGAAAACATTGCTGCAGCCTGTGTGTGATTATGCACACATACAAACATTAACAAG
TGAGTGGGGAATGGTAATGCTGCTACTATTACGGTTTAAAGTGAACAAAAGTAGGGAAAC
AGTGGCACACTGTATAGGCACTATATTAAATATTCCAGAGAAACGTATGCTAATAGAACC
GCCAAAGCAACGTATAGGGCCATGTGCACCTATATTGGTACAAAACAGCCATGAGCAATGC
AAGTGAGGTGTTTGGGGAACCGCCGACTGATAGTTAGACAAACAGTAATAGGACATGC
AATGGGAGAAACACAATTTAGCTTATCAGTACTGGTGCAGTGGGCGTATGACAATGAAAT
AACTGAGGAAAAGTGAGCTAGCCTATGAATATGCACAACCTGGGAAATGAGGATGCAATGC
TGCTGCATTTTTAGCAAGTAATTGTACAGGCAAGATATATTAAAGATGCAATTACAATGGT
AAGACATTACAGACGTGCAGAACAGGCACGTATGACCATGTCACAATGGATTGCATACAG
GGGGCGCAAGGTGGCTGACACAGGCGACTGGAGACATATAGTAAAACCTGCTAAGATATCA

AGGAATAGAATTTATTAGTTTTATGGAAGCGTTAAAGCACTTCCTAAAGGGAACCCCCAA
AAAAAGCTGCCTAGTGTTTTTATGGACCTAGTGACACAGGGAAGTCAATGTTTTGCATGAG
CCTATTAAAGTATCTAGGTGGAGCAGTAATATCCTTTGTAAATTCTACTAGCCATTTTTG
GTTGTCGCCATTGGTAGACACCAAAATAGGGTTGCTGGACGATGCTACACAGCAGTGTG
GGTATATATGGATACCTATTTACGAACAGTGTGGATGGCAATACCATGAGCATAGACAG
AAAACATAAAACCCTACAACAGCTAAAATGCCACCATTAAATGATAACCACAAATGTAAA
TATAGAGGCAGATGACAGTTTAAAGTATTTACGGAGCAGAATGGTGGTGTTCGGTTTTCT
ACACAAGTGCCCACTAGACAGCAATGGGAGACCCAGTGTATAAATTAATAATGAAAATTG
GAAATCCTTTTTTTCAAAGGTCGTGGGCACGATTAGACTTAACCCAGGAGGAGGAGGAGGA
GGAGGCGGACAATGGATGCACTAGCCGCCCCGTTTAGATGCGTGCCAGGACAAGTTAATAG
ACCTCTATGAAAAAGATAGCAACAAGCTTGAGGATCAATTATTGCATTGGCAGTACACGC
GTCTGGAAAAAGCTATGTTATTTAAGGCAAGAGAAACAGGACTAACACATATAGGCCACC
AGGTGGTGCCACCACCTTAGTGTAACAAAAGAAAAGGCCCGGCAAGCTATAACAGTGCATT
TATCTCTACAAAGCCTAAATAACAGTGAATTTAGGCACGAGCCATGGACATTGCAGGACA
CATCATTGGACATGTGGAATGTGTCCCCAAAGGGTGCTGGAAAAACAAGGACGTCCTA
TCAGAGTAAAAATATGATGGTGAAGATGACAAAGAAATGGAATATGTCAGCTGGGGGTATA
TATATATACAGTGTGCTAGCACTGATACATGGCTTAAGGTGCCTGGACAGATTAGCCACC
AAGGGTTATATTATGAAGTGAAGGCTGTAAACGGTACTATGTTGACTTTGCAAAGGAGG
CAAAACACTATGGGGCAAAAACATGTGGGAGGTGCATGTGGGAAGCACAAATTATTTACC
ATACATCGCAATCTGTATCCAGTACTCAGGGAGGCGTGTGAGAAGTATCCACTGCTGCAA
CTGCTGCAAAGTTATACCACACCACCACCGCGCCACCCTACCGCCACCAAGAAAGCCT
CCCAGGTGCAGGCGCCGCTGTAAAGCGACAGCGACTTGAGGAGACTGCACCCAGCAGC
CCGATTCTACACAGGACAAGCGACCATCCGTGGACAGTTGCTACACACGGACAAAACAATA
ACCCTAAACAACACACAGTGGACACGGGACAACCTGTATCAGTAACGGTGCACCTGTCCTGC
ACCTAAAAGGTGACCCAAACCGTCTTAAGTGCTTTAGATATAGGTTACAGCAATCAGTGC
CCCAATTGTTTGATAAAGCATCGTCCACGTGGCGGTGGACCTGTGGGGGGACGGACGAAA
AATACTCCTTTGTAACATTGTGGTACAAGGACACTGAACAACGCAACAGTTTTTGGCAC
GTGTAAATATACCTAAAGGATTGTGGCTACACAGGGACATATGTCTATGTGTGTATAAA
GCATTGTGCATAATACTGTATACATTGGTGTACCTGTATGTAACCTAGCTGTATAATACA
TTTTGCATACCTGACATATACAGCACAAACCCTGGACCTTATTGTATGGGCCGTGCATGCA
TGGTGTAAATGTGTTGCTGCTGCTAATTCTGTTTTGGCTTTCCCAACTATCTGCCTTTGTT
GCTTTTCTTGTGTTTGTGTGTTTTATCTATTTAGGGTTGTGGTTTTTGTATATGCAGGTA
CTGTGGTACATTGAAGTGTATATAAGTAAATCACACAACCAGCCAACCTACTGCTGCTACA
TATCCTTGATACAGCCCCCTACCCTATACAGTATGTATCCATTACAGGTGCGGGGACCCCAA
GGTGGATATGATATAGTATTGTTTGAGCGTGGAGATGTTGGTATATTGGCATTAAATTTTG
TTACTGATTGCTATTATCTTAATTTTGTATACATACGCATTTTGCATTTATAATATTCT
GTATTGTAATTTTGTATTGTTTGTAAATAAAGTGGTACCATGCCAAAATCCCGTCGCAAAC
GTGCCTCTGCAACAGACCTGTACCGCACCTGCAAGGTTACAGGCACATGTCCCTGCAGATG
TGGTTCTTAAGGTGGAGGGGGATACATTGGCTGATCGTATTCTTAAGTGGGCCAGCCTGG
GTGTCTTCTTCGGTGGCCTTGGCATTGGCACCTCATCGGGCACTGGTGGCCGCACCTGGCT
ATATACCCTTGGGAACACGGCCCCCAACCGTGGTTGATGTAGGGCCTACCGCCCCGCCAC
CTGTGGTTATTGAACCTGTGGGGGCGCGGATCCATCCATTGTTACATTGGTGGAGGATT
CTAGTGTTATTAATCTGCGGGCCCCGTTTCCCTAATTTTACTGGAACAGGTGGGTTTGAGG
TTACCACCTCTTCTACCACCACCCCTGCAGTATTGGATATTACTCCCTCCGGGTCGTCTG
TGCAAGTTAGTAGTACAAGTTATATTAATCCCTTATTTACTGAACCTTCTATTATAGAGG
TTCCCCAGGCTGGTGACATTGCTGGCCATGTATTGTCTGGTACAGCTACCTCGGGTACCC
ATACGTTTGAGGAAATTCCTATGCAAACCTTTGCTGTACAAGGGGGGACAGGTCAGGAAC
CCATAAGCAGTACACCTATTCTGGGGTGCGGCGCCTTGCAGGGCCTCGCTTAAATTTGT
ACAGCCGTGTACCCAGAGGTTCCCTGTACTGACTCTGCATTTTTTATCACGTCCCTGAAT
CATTTGTTACCTTTTCATAACCCCTATGTATGACCCAGAAGAACTATTATATTGAGCATC
CTAGTTTGCATGCCCCCTCCTGATCCAGACTTTCTGGATATTGTTACCTTGCATAGGCCTG
CCTTAACAGCACGTAGGTGAGGTGTTAGATATAGTCGTATAGGTCAAAGGGCATCTATGC
GCACTCGCAGTGGCAAACATATTGGGGCCCCGTGTACATTTTTTATCATGACATAAGTCCTA
TTGCACCGGCGGACAGTATTGAAGTGCAGCCCTTGGTGTCTCCTCCACTGCCCCCAGTGATG
ATACTTTATATGATATATATGCTGATGATACCCATTTGTCCTCTGTGTTACGGGGGCCCT

CTCTTCCATCATTGCACAGCTCTACCCCTACAGCATCTACAAAGGTGTCGGCCACGTCCA
TACTATCCTCTTCCCATTATGACAATGTAACAGTCCCCTTGTCTGCAACAGATGTGCCCC
TATATACAGGTCCCAGATATTGATCATTCCATGGCCCCGTCCCCACGCCCTTTGTTCCCTG
TGGTTCCTAGCACTGCCCCATATTCTGTATATATACAGGGGTCTGATTATTATTTACTAC
CTAATTATATATTTTTTTCCTAAGCGACGTAAACGTGTGCCCTATTCTTTTTTCAGATGGCT
TTGTGGCGGCCCTGGTGATGGCAAGGTTTACCTGCCCCCAACTCCCGTGTCTAAGGTTATC
AGCACGGATCGTTATGTATCCCGCACCAACTTATTTTTATTATGGTGGCAGTTCTCGCCTG
CTTACTGTGGGTACACCTTACTATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAA
TCCAATATTCCAAAGGTGTCTGGCTATCAGTACAGGGTGTTTCGGGTGCGTTTGCCTGAC
CCTAATAAAATTTGGCCTTCTTGACGCCCAGTTATATAATCCTGACACCGAGCGCCTGGTC
TGGGCCTGTAGGGGTCTAGAGGTGGGCCGTGGCCAGCCGCTCGGTGTTGGTACAAGTGGC
CATCCGTTATACAATAGACTGGATGACACAGAAAACACCCCTTTCTTACTACTGAAAAC
ACTGATAGTAGGGACAATGTGTCTGTGGACTACAAGCAAACCCAGTTGTTAATTGTAGGC
TGTAAGCCCTCTATAGGGGAGCATTGGAGTAAGGGTACTGTTTGTGCCAATGTACAGCCC
AAGACAGGGGATTGTCCACCATTGCAATTTACTAATTCTACTATTTCAGGATGGCGACATG
GTTGAGGCAGGTTATGGTGCTATTGATTTGCAAAAGTTACAGGAAAACAAGTCCGAGGTG
CCTTTAGACATTTGTACTACTGTTTGCAAGTATCCTGACTATTTGCAAAATGGCTGCTGAG
CCCTATGGCGATTGCATGTTCTTTTGTCTTAGGAGGGAGCAAATGTTTGCCCGCCACTAT
TTTAAACAGGCAGGGTACTATGGGCGAGGAGTCCCTGACACCTATTTTTTTGAAGGGGGCG
TCGTCTGGCCCTTAGGGCCTCTTTAAGCAGTTATGTGTATGCCCCCTACCCCTAGTGGCTCT
ATGGTATCGTCTGATTCCAGTTGTTTAAACAAACCCCTATTGGCTGCAGCGGGCCAGGGC
CACAATAATGGTATTTTGCTGGTTTAAATCAGTTGTTTGTAACGGTTGTTGATACTACTCGC
AGTACCAATTTTACTATTAGTGCTGCCACTCAAACAACCACTGAATATGACCCCACAAAG
TTTTAAGGAATATTTAAGGCATGTGGAGGAATATGATTTACAGTTTATTTTTCAATTGTGT
AAGGTCCGCTCTGACCCCTGAAGTAATGGCCTATTTACATACTATGAATGAATCCCTTTTG
GATGAGTGGAATTTTGGGGTTGTGCCCCCTCCTTCCACTAGTTTAGATGATACATACCGA
TACCTTCAGTCCCGTGCCATTACATGTCAAAAGGGGTCTGCAGCCACAAAGCCTAAGGAG
GATCCATATACTGGCATGCTGTTTTGGGAGGTAGATTTAAAAGACAAGTTGTCCACTGAT
TTAGACCAATTTCCCTTTGGGCCGCAAGTTTTTGTGTCAGTCCGCCCCCTAGGGTGTCCCGT
GTGTCCCGCAAGCGTCCCGCCTCTACCTCTACTGCCTCTACCTCTAAACGTCGCAAAGCC
AAAAAGTAGTGTGGTGTGTGTGCTATATTGTATGTCTGTTTGGTATGTACTTTTTATGTT
TTGTATGTATTGTGTTTGTGTTTGTATATGCTTTGTATGTATTGTGCAGTGACCTGTATGTG
CCCCTGTCTTGTGTCCTTGTACTGTTGTGTATGTTTGTGGTGTGTATGTATTTATGGAA
TGTGTGTTATGTTATGGATCAATAAATTGTGTGTCAATTGTGGGTACATGTCCGGCTGCA
CCCTGTGAGTAAGTATGCACCTTGACACACACCTTGTACACCACAACATATCCTCCATTTT
CTGCAAAATAGTTTGTATCTCTACCTCCATTTTGTGAGCGACCGAATTCGGTCTCCCGCCT
TTTCGGTCTGTGTTATGGCGCTATTCCAGTACAACCTAATCCTTTGGCAACCCTACATCCT
GCCTAGGCAGCTGCAAACGTTCCACACCTAGGTGTGTCTGACATCTCTTTCCTATATAA
TAAATATATTATGTTGTAGTTTATAGGTTTACTTACTCATCTTCAATAAATATGCTTTTA
GGCAATACTTTGGCTTACAACCTTTCCCTTAAGTGCATAGTTGGCTGCCTTAGTACATTGT
ACTGCCAGGTTTCACTTCCATAAACTGCATACTTGTAACTATCCTGCCAAGTTTCTGT
CTTATAAACCTTAAACAATACTTATGTAAACACACAAATCGGTTGCTGTATTACTCATA
CCTTGTCATTATACTTAA

>gi|39932599|gb|AY395706.1|_HumanPapillomavirus_type_62_isolate_Qv18091,_complete_genome

ATGACTGCAGGGCCAGCAAGGCCACGAACCTGTTTTTGCTGTGTAAGGAGTATGATGTG
GACCTGGACGACCTGCACCTAACCTGCATATTTTGCAAAACAGACCTGTCCGCCGGTGAA
CTGCTGTCCCTTTGCAATACGGGAGCTACAGTGGTGCGGCGAAAGGACTGGCCATTTGGA
GTAGTCGCAGCATGCCATTATTGAGAGAGATTAAAGTAAGAGAGCTACGGCGGTGGCAGCAC
TCATGCTTTGGAATAACAGTAGAAGAGGAAACAGGCAGTCCGCTTGCACAAATATATATT
AGATGCCATGCAATGCTGTATGCCATTAACCTGTGAGGAAAAGGAGTATCAGGTAGAGAGG
GGAGTGCACCTTCCACAAAATAGCAGGAGTGTGGACAGGACGGTACCGCAATTGTAGAGGA
GTATGCACGGCCAGGCAGCAACTATAAAGGACATTGTCTTACAAGAGCGTCCCGATGTGG
TTGACCTACATTGCCACGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAAGAGGTGGATGATAGGG
ACAGTGCTGAGCAACCTGTAGAACGGGCACAGCAGGCCCATAGGGTGGTTACTACGTGTG

GTATTTGCAACTGTTTAGTTAGGTTGGTGGTGTTAAGTGGAGACGCAGAACTCAGACGGC
TGCAACAACACTACTGACGGATGCACTGGAGATAGTGTGTCCCGGCTGCGCATAAGTGACAT
GGCCGATGCGGAAGGTACCAATGGCGGGGATGGGATAGATGGTACAAACGGGGCCGGAGG
GTGGTTTATGGTGAAGTCATAGTAGAACAAACAACAGGGTACCAGGTGTCCAGTGATGA
AGATGAAAACAGTATAGACACAGGGGAAGATCTGGTAGACTTTATAGACAATACCAGACA
TCCCGGGGACGGGCAGGAAGTGCCGTTAGAATTGTTTGTTCACAAAATGCACGGGATGA
CGCTGCAGCTGTGCAGGCACTAAAACGAAAAGTATACATATAGTCCTGCAACAAGCTCATG
TGTATCCTGGGTGGACTGTGAATTGAGCCCCGCGTTGAACGCAATAAGCCTAGACCGGGG
ACACGAAAAGGGCCAGAAGGAGGTTGTTTGACCAAGACAGTGGGTATGGCCATACGCAGGT
GGATACGGGACCATCCGAAGGACAGGTACCGGGGGATACACAACAAAACAGATGAAAACGT
AGAGCAGGAAGTGCAAGAGGATGTAAGGGGGGGGGGGGATGGGGAACCGGAACGCAGTGT
AGATGTGCAACAATCGCAGGAACGCACAGCAAGTATTGTAGAGCTGTTAAAAACCAGTAA
CCTGCGAGCAACACTGCTAAGTAAGTTTAAAGGAGCTGTATGGGCTGGCATTTGGAGAGCT
GGTAAGACAATTTAAAAGTGATAAATCAGTGTGTGGGGACTGGGTTGTATGTGCCTTTGG
TGTATACCATGCAGTGGCAGAGGCTATTAACCATTAATACAGCCTGTGTGCCTATATGC
CCATATACAAAGCCAAACCTGTTTCGTGGGGTATGGTAATATTAATGCTTATTAGATTTAA
ATGTAGTAAAAGCAGGGAAACAGTGGCCAAATGCATTGGCACATTGCTAAATGTGCCTGA
CAAGCAAATGTTAATTGAACCACCAAAAATTAGAAGCGCGCCCTGCGCACTATATTGGTT
TAGGACGGCCATGGGGAATGCAAGTGAAATATTAGGGGAAACACCTGAGTGGATAACAAG
ACAACACATGTGTGGGATGCAATGCAAGAAACACAATTTAGCCTATCAGTGCTTGTACA
GTGGGCATATGATAATGATATAGTGGACGAAAAGTGACCTAGCATATCAATACGCATTGCT
GGGCAATGACGACCCCAATGCAGCAGCCTTTTTTAGCAAGCAACTGCCAAGCAAAGTATAT
AAAGGATGCAATTACAATGTGTAAATATTATAAACGGGCAGAACAAAAACGTATGTCTAT
GGCACAGTGGATAGCACATAGAAGCCAAAAGGTAGCTGATACAGGGGACTGGAGACCTAT
AGTACGGTTTTTTAAGGTATCAAAAAATAGAATTTGTGACATTTATGAGTGCCTAAAAAT
GTTTTTAAAGAAATATACCCAAAAAAGCTGTATAGTAATATATGGGCCAAGTGATACAGG
GAAATCATTGTTTTGCATGAGCCTATTAAAGTTTTTAGGAGGGGCAGTAATATCCTATGT
GAATTCCACCAGCCACTTTTGGTTATCCCCCTAACAGATGCTAAAGTGGGGCTACTGGA
CGATGCCACGTACCCATGCTGGGTATATATAGATACACATTTACGGAGCGTGCTGGATGG
AAACCAAATAAGCATAGATAGAAAACATAAAAACCTGACACAGATACAATGTCCTCCCTT
ATTTATTACCACCAATATAAATCCTTTGGAAGACGCAAATCTAAAATACCTGCATAGTAG
AATTGCAGTATTCACCTTTATGTACAAGTGCCATTGGATGACAAGGGGGACCCAGTGTA
TCAATTTAATAATGAAAACCTGGAATCCTTTTTTCAAAGTCTCTGGGCACAAATAGAGGG
TACTCCTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGACAATGGCAACACTGGCCGACCGTT
TAGATGCGTGCCAGGAGAACTAATAGACTTTTATGAAAAGGATAGCGACAAGCTTGATG
ACCAAGTAAAACACTGGCAGTGCATACGCTGGAACATGCCATTTTATTTAAGGCAAGAC
AAGCAGGACTAACACAGTTGGGCCACCAGGTGGTGCCAGCACTTAGTGTTACAAAAGGAA
AAGCCACCTGGCAATAGAAGTGCATTTAGCATTGAAAAGTTTATATGCAAGTGTGTATA
AAGACGAACCATGGACATTGCAAAGCACGTCTTTGGACATGTGGAACGCAAAGCCACAAA
AATGCTGGAAGAAAAAAGGACGAACAGTTACAGTTAAATTTGATTGTGAGGACTCTAAAA
TAATGGAGTATGTAAGCTGGGGGTACATATATGTGCAAACAGATACCGAGCAATGGTGTA
AAGTACAAGGAAAGGTAAGCTATGAAGGGCTATACTACGAACTGGAGGGCCACAGACACT
ACTATGTAGTATTTGCAGACGAGGCTAAAAAATATGGGGACCTTGACAAATGGGAGGTCC
ATTGGGGGAACACAGTGATTTATGAACCATGCAACTCTGTATCTAGCACCCAGGACATTG
TGCGAGAGATACCCCTGCTGAAACTACTAGACTGCTACACACCCCCGAACCCACCACCA
GTGCCCAGCACGTGGGCACCACCCAGACCACCAAAGCCACCCCGGTGCCGACGCCGCCTT
GTAAGCGACAGCGAGTCCACGGACACGGAGCGGAGCGGCAGCCACCGTTACAGAAGCGG
ACAGCAGGGTCTGGACAATAACGAGTACGGGACCAACAGTTACCTGACAGCACAAAAG
GACGACACGTGTGTGACGTTGGCGCTGCACCTGTAATACACCTGCGAGGTGAACCAAACA
AATTAAAGTGCTTTAGATATGATTACGCGGGTCTGTACCACATTTATTTGTAAAGGCGT
CCTCCACGTGGCATTGGACCTGTGGGGACGACACAGAAAAGGATGCATTTGTAAACATTTT
GGTATGCCAATATAGAACAACGCACAGAATTCCTGCAACGTGTAACAATACCAAAAGGCA
TACAAGCAATGCAAGGGTATATGACCATGTGTATGTAACCATATATATATGTACATATAT
ATTACTGTAATCACATATAGCTACGTGTGTAAACAATATTGTTTGTGCTGTATCTGAGCC
AGGTTTATACAGTAAGGTACCACACCTGCATTGTGCAAACGTTACCAATCCTGGATAACT

TGCTATGTTGTATATGTGGGTGGTGTGATGTGCTTTTGTGCTTATACTTTTCTGGCTTT
CCCAGCTGTCTGCCCTAACTGCCTTTGCTGTGTTTTTTTTGTATTATATATGTGGGATTTG
GGCTTTTGTATTTGCAGGTTATGTGGTACATTGGTATGCTGTAAACCACAACCAGCCAAC
CACTGCTGCTATTGTGTATATACATAGTAGGTGTATTTGCAGGTGTTTAGTAGGTATGCA
TCCTGTTATGGTACGCTCCTATGACGGGGGCACCGATATTGTGGTGTGGGGTCTGATGA
CAGTGGTCTACTGTTTTTATTGTGCCTCATAGTGGCATTAACTGTTTGTCTATATACAA
GTTGTTGCAATTGTAACCTACCAGCGTTGTACATACCATATTTCTGTTATTGTTGCTTTAT
TTTTTATATTTTGTATGTTGCAATAAATACATTTATACATTGGCTTTCAATATGCCCAAG
GTACTGCATCGTCGCAAGCGTGCATCTGCCACTGACCTTTATCGTACCTGCAAAGTATCA
GGCAGCTGTCCCTTCTGATGTCAATCCCAAGGTGGAAGGCAATACATTGGCAGATAAAATA
TTAAAGTGGGCCAGCCTTGGGGTATTTTTTGGGGGTCTAGGTATTGGTACGGCCTCTGGC
ACGGGTGGGCGCACCGGTACATACCTATAGGGGGCCGGCCCCCGTCTGTGGTGGACATT
GGCCCCGTGTCCCGCCCCCTGTGGTTATTGAACCTGTGGGCGCTACGGATCCATCTATT
GTTACCTTGTGAGGATTCCAGTATTATTGAGGCCGGGGCTGTGCATCCCAATTTTACA
GGGTCCCTCAGGGTTTGAGGTACCCACATCCTCTACCGCCACCCCTGCTGTTTTGGACATT
TCCCTACCGGTACCACTGTACAGGTTAGCAGTACCAACTTTTTAAATCCTGCATATACT
GAGCCATCCATTATAGACCCTCCCCAACTGGTGAGCTTTCGGGTCATGTGCTTACCAGT
ACACCCACAGCTGGGTACACAGTTATGAGGAAATCCCTATGGTTACCTTTGCATCAAAT
GCTGACAGGCTCTGAACCTATTAGTAGCACCCCATTTGCCTGGTGTGCGGCGCGTTGCA
GGGCCCCCGCTTGGTTTTATACAAAGGCCACTCAGCAGGTGCCTGTGGCTGACCCTGCC
TTTGTGTCTCGCTCCTGCATCCTTTGCAACATTCGACAATCCTATATATGACCCCGAGGAA
ACTATTATTTTTGAGCACCCAGTATTTACACACCGCCTGATCCTGACTTTTTAGATATT
GTGACTTTACACAGGCCTGCTTTAACCTCTCGCCAGGGCACTGTACGCCCTTAGTCGTGTT
GGCCAGCGTGCGTCATTACGCACCCGTAGTGGTAAGCGTATTGGGGCCAGGGTACACTTT
TACCATGACATCAGCCCTATACCCAGTACCACCCTGGTGACATTGAGTTGCAGCCCTTG
CTGCCCTTCTGGCTCCTCCTCTGCTGATACATTGTATGATGTATATGCAGATGACCAGCAC
CTTGATGCTGTATTACAGTCTGTGCCTTCTATGTCTTCCAGGCCCTTGGTTCCCAGCAAT
GCCACCATATCTGCCACGTCTGTGGCATCCTCTCATACTAATGTCACTGTACCATTATCC
ACTGGGTGTCCGTTCCAGCGTCCACTGGCCCTGATGTGGAATTGCCCTCAGTTTTCTGTA
CCTGTGTCTGTGCTAACGCCTTCCTTCCCTGCAACTACCCCATATTCTATATATATTGTA
GGTTCTGATTATTATTTGTTCCCTTCCTATATTTTTTTTCCCAAAAAAACATAAACGTCTT
CACTATTTTTTTTACAGATGGCTATGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTATACCTGCCTCC
CACTCCTGTTTCTAAGGTTCTCAGTACGGACACCTATGTTACACGCACCAACCTTTTTTA
TTATGGGGGCAGCTCCCGCCTTCTTACTGTGGGACATCCATATTGTACTTTACAGGTTGG
CCAGGGTAAACGGGCCACCATTCCTAAGGTGTCTGGGTATCAGTACAGGGTGTTCGTGT
GAAATTACCAGACCCTAATAAATTTACTTTACCTGATGCAACCTTATATAATCCAGACAC
GGAACGCATGGTATGGGCCTGCAGGGGCATTGAGGTGCGCCGTGGGCAGCCACTGGGTGT
TGGCACCACTGGCCACCCGTTATATAACAGGTTGGATGATACAGAAAAATACCTCTTTGTT
GGCTGCTGCTAATGATGACAGTCGGGACAATATCTCTGTGGATTATAAGCAGACCCAGTT
GTTAATTGTGGGGTGTAAAGCCCCCTATAGGAGAGCACTGGACCAAAGGTACCTTATGCCC
CAATGCTGCCCCGGCCCCACGGAATGCCCTCCGTTGGAATTTAAAAATACAACTATTCA
GGATGGTGACATGGTAGAAACGGGCTATGGGGCTATTGATTTCAAAGCTTGCAGGAAAG
TAAATCTGAGGTGCCCTTGATATATGCACCTCCACATGTAAATATCCTGACTATTTGCA
AATGGCTGCAGAACCTTATGGCGATTGTATGTTTTTTTTGTTTGCGCCGTGAGCAAATGTT
TGCCAGACATTTCTTTAACAGACATGGCACTATGGGCGAGGCCCTGCCCCACTGACCTGTA
TATGAAAGGTACCCCAGGCAGTGACAGACAAATGCCGGGCAGTTACATTTATGCCCCCAC
TCCTAGTGGGTCTATGGTGTCTGTGATTCTCAGTTGTTTAAATAAGCCATATTGGCTGCA
GCGGGCGCAGGGCCATAAATAATGGTATTTGTTGGTTTAAATGAACCTGTTTGTACTGTGGT
GGACTACTAGGAGTAAATAATTTTACTATTTGTACCGCCTCCACTGCTGCAGCAGAATA
CAAGGCTACCAACTTTAGGGAATTTTTGCGACACACGGAGGAATTTGATTGCAATTTAT
ATTTCAATTGTGCAAAATACAGTTAACCCCCGAAATCATGGCCTACCTGCATAATATGAA
CAAGGACCTTTTGGATGACTGGAACCTTTGGGGTTTTTACCTCCCCCTTCCACTAGTTTGA
TGAGACATATCACTATTTGCAGTCTCGGGCTATTACATGTCAAAAGGGGGCTGCTTCCCC
GTCCCCCAAGGTGGACCCGTATGCGCAAAATGACATTTTGGACTGTGGATCTTAAGGACAA
GTTGTCTACTGATTTGGACCAGTTTCCCTTTGGGGCGTAAGTTCTTGCTACAAGCAGGGTC

TCGCCCTCGGTCTGTTGCTGTGTCCCGTAAGCGTTCCTGCACCTACTAAGCAGTCCCCCTAC
CTCTGCTAAACGAAAGCGCAGGAAGTAAGTGTATGTATGGTATGTGTGTGTGTGCTCTGT
ACTGTGTTGTGCGCGTTTGTCTAGTGTGTTTGTGTTATATGTATGTATGGCCTGTTTGTATA
TGTTGTGTATGTACCCCCCTCCTCCCGCTGTTGTATATGTATTTATGGAATGTATGTGTT
GTTTGTGCATTATTAAACTGTGTGTCACTGTGCCTAATGTCCGGTGCGCCCTGTGAGTAA
GTGTGTGTGTGTGTTTGTGTTGTACGCCTTGCACACTATGTTATTTCTTACCCTCCT
TACATTAGTGCCTCCATTTTGTGTGTCTACATTTTGTATGACCCCATTTGTGTTACCCCGAC
CGTTTTTCGGTTGCGCGCCTTTTTTGGTTTTCTATAGTGGCACACTGCCACACTGTACACAAA
AGGTTTCTAATCCTTAGGCAACTCATTTCTGCGTTGGCAGCATACTGTGTTTTTACACCT
GGGCGTGCTGACATATTCTTGGCGGCCTACAACCTGTTTTGCACACAAAATTATACAGTGC
ACTTACTCATTTTGAATAAAACTGCTTTTAGGCACATTCTTTGTGCTGACTACCATGTC
CTAATTGCTGGTTTGGCTTTTATAAACTTTCTACAAGCCAACCTATGTGTCTTATAAACTA
AGCATGCTTTGTGCAAACCTGTTTTAACATACAAGGTGGGGCAATGTGTAAGTCTACTTT
TCCCTTATAATAATTTACAACAATCATCTGTATAATAAAGTAGGGAGGTACCGAAAACGG
TCGACCGGGAAGGTACATATAAAAGCAAACCGTGTGGTCAGCACAGTAGCA

>gi|4574720|gb|AF131950.1|_Human_papillomavirus_candHPV85,_complete_genome

CTTATACTTTTTTATAATTTTATTACTGAAAAGGTGTAACCGAAAACGGTCATGACCGA
AATCGGTGCATATATATAACCCAGCTTACAGTACATGTAATAGGATGGCTGAATTTGGCA
ATCCAGCTACCCGACCCTACAACTACCAGACCTATGCAACACACTGGACACATCACTGC
AAGATATAGAAAATAAGCTGTGTATATTGTATAAAGCGTCTGCAGCGAACAGAGGTATATG
AATTTGCCCTTGTCTGATTTATTTGTAGTATATAGAGACGGTATACCATATGCAGCATGTC
AGAAGTGTTTAATGTTTTATTCTAAAATAAGAGAACTAAGATATTATAGCGACTCTGTGT
ATGGGGAAAACGTTAGAAAACTAACAATAAGCAATATATATGATATATTAATAAGGTGTT
TACGGTGTCAAAAACCTTTATGTCCGGCAGAAAACTAAAACACCTTAATGAAAAACGAA
GATTCCATAAAAATAGCAGGGAAATATAGAGGACAGTGTGCGCGGTGCATGACGCGTGCAC
AAGAACAGCAAGGCAGCCGAGAGAAAACACAAGTATAAGGGTCGCTATGCATGGACCAA
ACCTACTGTACATGACATTGTGTTAGATTTGGAACCATATAATGAAGTGCAAGAGGTTGA
CCTGTATTGCTATGAGGAATTAACAACCTCAGAGGAAGAAATAGATGAACCAGATAATGC
AATTAATCACCGACAACCACTACTAGCCAGACGAGAAGAACTACAGCGTCACACTATTTG
CTGCGTGTGTTGTAAATGTGAGGCCAGTCTGCAGTTAGTGGTGGAAAGTTCAGCAGCCGA
TCTACGAGATCTCCAGCAGCTGTTTTTGGGCACGCTATCATTTTTTGTGTCCACTGTGTGC
AGTACTGCGGTAAGCTGCAATGGCCGACCTGAAGGTACAGATGGGGATGGGACGGGATG
TAATGGTTGGTTTTTTTGTGCAGGCAATAGTAGACAAAAAACAGGTGACACCATATCAGA
GGATGAGGACGAGGACGGGACAGATACAGGTTTCACTTGGTAGATTTTATTGACACTAG
TAATACAAATTATATGCAGGCAGATAGAGAGGCAGCACAAAGCGCTATTACATGCACAGGA
AGTAGAAACTGATACAAAGCTATTACATGCCTTAAAACGAAAGTATGGAGCACACAGCAC
AGAAAACAGTCCATGTCGTGATACAGCAAGTATACATAGCAATTTAAGCTCACCATTACA
AGAAATATCGTTAAATAGCTATAATAATACAGCTAAACGAAGGCTGTGTTTCAAGTGCCAGA
CAGCGGCTATGGCAATACTCAAGTGGAACCTCTGCAGACTCAGGTAACCCCTAGATACAAA
TGTGTTTGGGGATGGGAAAAATGGCGACGGTTTAAATAGTGAGGCATGTAGTACAGATAA
TGAAATGGATATAGAAAATCAAAATCCAACTCACCAATGACACAAAATTGTGTCCTTATT
AAAAGTAAATAATAAAAAAGCAGCAATATTGGCTAAATTTAAAGAAACATATGGATTGTC
ATTTACAGATTTGGTACGAACATTTAAAAGTGATAAAACAACATGTACAGATTGGGTAGC
CGCTATTTGTGGAGTAAATCCAAATATTGCAGAAGGATTTAAAACGTTAATACAACCATA
TGTGTTATATGCACATATACAATGCATGGATTGTTTATGAGGAGTATTTATATTAGCTTT
ATTAAGATATAAATGTGGCAAAAATAGACTAACTGTAGCTAAAGGACTAAGTACATTACT
ACATGTACCAGATACCCATATGTTAATTGAGCCACCAAACTGCGTAGCAGTTGTGCAGC
ACTATATTGGTATAGGACAGGAATATCAAAATATTAGTGAAGTAACAGGAGACACACCTGA
GTGGATGACAAAGACAAACTATTATACAACATGGGTATAGATGACAGTGTATTTGACCTGTC
AGAAATGATACAGTGGGCGTTTTGATAATGACTATATAGATGAAAGTGACATAGCATATGA
ATATGCACAGTAGCTGATTGTAATAGTAATGCAGCAGCATTTTTTAAAAAGTAATTGTCA
AGCTAAATACTTACGAGATTGTGCAGTTATGTGTAGACATTATAAAAAGGCACAACGAAA
GCAAAATGAATATGTCACAATGGATTAGTTATAGATGTGACAAAATTGATGATGGAGGTGA
TTGGAAAACCTATTGTACAATTTTTTAAGATTTCAAGGAATAGAGTTTATTACATTTTTTAAG
AGCATTTAAAGACTTTTTTAAAGGAACACCAAAAAAAATTTGTATTGTTATATATGGACC

AGCAAATACAGGCAAATCATATTTTTGTATGAGTCTTATACAATTTTTACATGGTACAGT
GTTGTCATTTGTAAATTCAAACAGCCATTTTTGGCTGGAACCGTTAACAGACACTAAGAT
AGCTATGGTAGATGATGCAACACCAACATGCTGGTCCTATTTTGATAATTATATGAGAAA
TGCATTAGATGGCAATCCAATAAGTATAGATAGAAAACATAAACATTTAATACAAATGAA
GTGTCCACCAATGCTAATTACATCTAATACAAATCCTGCAACAGATGATAGATGGCCTTA
TTTACGAAGTAGGGTAACAGTATTTACATTTCCACATACATTTCCATTTGATAGCAATGG
CAATCCAGTGTATGACATAAATGATAAAAAATTGGAAATGTTTTTTTAAAAGGACGTGGTC
CAGATTAGATTTGCACCAGGAAGAGGAGGATACAGAAAATGATGGATGCCCTATCCCAAC
GTTTAAATGTGTTACAGGAAAAGATTCTAGAACATTACGAGACTGATAGTACAGACATAT
GTGATCAAAATAGACTATTGGAAGTGTGTACGTCTGGAAAATGCAATATATTATGCAGCAA
GGGAGCATGGTCTTAAACAATAAAACCACCACGTGGTACCAACATTTCAAAATTTCAAAAA
GCAAAGCACATGAAGCAATTGAACTGCAGATGGCACTAGAGAGTCTTGCTAAATCAGAGT
TTAAAAATGAACTGTGGACATTGCAAGATACGTGCCAAGAACTATATCAAAACACCTCCAC
AACAGTGTTTTAAAAAACAGGGACAAACCGTCGAAGTACGGTATGATGGAGACAAAGACA
ATACTATGCATTATACATCTTGGGACTATATATATTATGTAACAGAAGGTGATAAGTGGT
GTAAAACCAAAGTTATGTGAATTATTGTGGATTGTATTATATAAAGGAGGGACAACAAA
CATATTATGTACAGTTTAAATGTGATGCACAACAATATGGACAGAGCGGTAAATGGGAAG
TGTGGTATAATGGTAAAAAAATTGAATGTGTAAATACCTGTGACAAAATAATACAATGTT
CTGAATCTATGTACAGTACCTGTGACGAGACAGTATCCGCTACTGCAATTGCTAGAGAAT
TACAACACCCACCACCGTATACCCGAGCCACCACCGTGTGCACCCAAAAGAGCGGGG
GTTTCGGCGCCGACTAGAAACCCATTAGACACTTGTGGATTACAGAAAACAAGTGAAGTCG
ACGGACTGTCCGTGGACCACCTCAACAACCCCTGCTTAGTGCACCTGCAGGCAACAACG
GGTTCAGGAAGCACAAATAGTGGTGACACTACGCCTATAGTGCACCTAAAAGGTGATAAAA
ATAGATTAAAGTGTTTTGCGATACAGGCTACAAAAGTTCCATAATTTATATACACAAATAT
CATGTACGTGGCATTGGATAGGTGGTAAAGAAACAACAAGGACTGGTATATTAACATTGG
CATATGCAAAATGAAACCCAAAGACAAAAATTTTTGGATGTTGTAAAAATACCTAATACTG
TTAATGTATCCCTTGGTTATATGACATTGTAATAGGGGTATGTTAATTGCTGTATTTTTG
TTGTGCTTTTGTGTGTGCCTATATGTGTGTTGCACTATTCCGCTTTTTCCTGCTACTAAT
GTGTGTGCGCATGCTTGGCTACTTGTGTTTTTGTTAATAGTTTTTATTACTACCCCTTTT
ACTGCATTTATTGTATATATATTTTTTTTTTATATTGCCAATGTTTTTATTGCATTTGCAC
AGTGTACATACATTTGACTAAGTACTATATAACCTGTATTGTACAGGACATTACATTGGT
AGTGTAAATACCTTTTTGTAAATAACATGGTATCCCATCGTGCTGCCCCGTCGAAAGCGTGC
ATCTGCAACGGATTTGTATAAAACATGTAAACAATCGGGTACATGCCCTCCAGATGTTAT
TAATAAGGTTGAAGGTACTACTCTTGAGATAAACTATTACAATGGACTAGTTTGGGAAT
ATTTTTAGGAGGCCTTGAATAGGTACTGGTAGTGGCACAGGGGGGCGTACCGGCTATAT
TCCATTGGGTGGCAGACCTAATACTGTTGTTGATGTGTCTCCTGCAAGGCCACCTGTTGT
AATTGAATCTGTGGGCGCTTCAGATCCATCTATTGTTACATTAGTTGAAGAGTCCAGTAT
TGTTACATCTGGAGCTCCTGTTCCCTACATTTACAGGCACATCTGGATTTGAAATTACATC
CTCTGCAACAACCACCCCTGCAGTATTAGACATTACACCTGCTTCTGGGTCTGTGCAACT
AAGTAGCACTAGTTTTACCAATCCTGCATTTACCGACCCTTCGGTTATTGAGGTTCCCTCA
AACAGGGGAGGTGTCTGGAGATATTTTTATTACTACCCCTACATCTGGGACACATGGATA
CGAGGAAATCCAATGCACACATTTGCAACACAGGGCAGAGGCACCGAACCTATTAGTAG
TACCCCTATTCCCTGGTGTTAGGCGTGTGGCAGGACCTAGATTATATAGTCAAGCGTATCA
ACAAGTTAAAAATACTAATTACAGACTTTATATCCCGTCCATCTACGTTGGTTACATTTAC
CAATCCTGCATATGAGCCTATAGACACTACATTAACCTTTTCACCACAGGATGTTGTGCC
TGATCCTGATTTTATGGATATTGTTTCGTTTACATAGGCCTGCCTTAACATCCAGACGTGG
TACAGTTAGATTTAGTAGATTGGGTAAAAAACTAACTATGTCTACTCGCAGTGGTAAACA
AATAGGTGCCCAGGTGCATTATTATCATGATATTAGTCCTATTTACATATAGGTGAAAG
TATTGAAATGCAGCCTTTACTGACCTGATGACAGTTACTGCTGACACTAATGGCCTCTT
TGACATTTATGCTGACACTGATATTGATAATAATGCCATGCTATATGATAGAAATATTTT
TGATGTTACACAACCTACCACCTCAACTATATCTAGTGTATCCTCTCGTTATAGTAATAC
TACTATTCCCTTAGCAACATCTTGGGATGTTCCCTGTTCATACAGGGCCTGACATGACATT
ACCTACTACTATACCCAGTGGCCTAATATAGTACCTTTTACTGCCTAATAATACACATTC
AGTTGTACTTCAGGGAACAACTATTATTTATGGCCTAATTATTATTTTATTTTCAAAAA
ACGTAAACGTGTTCCCTATTTTCTTACAGATGGCTTTGTGGCGTTCTAGTGACAGCAAGG

TATACCTTCCACCACCTTCAGTGGCTAAAGTTGTCAACACAGACGATTATGTAACACGTA
CCAGTACATTTTATCATGCTGGCAGCTCTAGGCTTCTAACC GTTGGACATCCATACTATA
AAGTTACCTCAAATGGAGGCCGCAAGCAAGACATTCCTAAAGTGTCTGCCTATCAGTATC
GAGTGTTCGGGTTACATTACCTGACCCTAATAAATTTGGTCTTCCAGACACTAATATAT
ATAATCCTGAAACACAACGTTTAGTATGGGCCTGTGTTGGCATGGAGGTAGGTCGTGGGC
AGCCTTTAGGTGTTAGCCTTAGTGGTCATCCCTTTTACAACAAATTGGATGACACAGAAA
ATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGACACTAGAGATAATGTGTCAGTGGATT
ATAAACAAACCAGTTATGTATTATTGGTTGTGTTCCCTGCTATTGGGGAACATTGGGCTA
AGGGTACTGCCTGTAAGCCCCGGTGCTGTGCAAACAGGTGACTGTCCCTCCATTAGAACTAG
TAAATACACCTATTGAGGATGGTGATATGATTGATACTGGCTATGGTGCTATGGACTTTA
GTACTTTGCAGGATAATAAAAGTGAGGTTCCCTTAGACATTTGTCAATCTATTTGTAAT
ATCCAGACTATTTGCAAATGTCTGCAGATGCATATGGGGACAGTATGTTTTTTTGTTTAC
GACGCGAACAGTTATTTGCACGCCATTTTGGAACAGGGGAGGCACTATAGGAGATGCAG
TACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTT
ATTCTCCATCACCTAGTGGGTCTATGGTATCTTCAGATGCACAAATGTTAATAAGCCTT
ATTGGCTGCACAAAGCCCAGGGACAAAATAATGGCATTGTCTGGCACAACCAATTATTTA
TAACTGTGGTAGACACAACACGTAGTACCAATCTTACCTTATCTACTGCACTACTAATC
CAGTTCCATCTATATATGAACCTTCTAAATTTAAGGAATACACACGCCATGTAGAGGAAT
ATGATTTACAATTTATATTTCAATTGTGTAAAATTACACTTACTACTGATGTTATGTCTT
ATATACATAACATGGACTACTATTTTAGATAGTTGGAATTTTGGTGTTAGTCCTCCCC
CATCTGCTAGCTTAGTAGATACATATAGGTTTTTACAGTCATCTGCCATTACATGTCAGA
AGGATGTGGTTGTTCCACAAAAAAGGATCCATATGAAAAATTAAAGTTTTGGAATGTGG
ATCTTAAAGAACATTTTTTCATCTGATTTAGATCAGTTTTCTTTTAGGACGTAAGTTTTTAT
TACAGGCTGGGTTACGACCTAAACCCACCATAGGCCCTAGGAAACGTGTTGCTTCTACTT
CTACTGCTACTAGGCCCTCCAAACGGAAACGTACTGCTAAATAATGTGTTGTGTATAATT
GTGTTGTTTGTTTGTATATGTGTGTTCCCTTATATGTTGTGTGCATGTTTGTATGGTTA
TGTGTATGTTTGTATCATGTGTAAGTAATGTGTGTATTGTATGTGTTAATAAAGTATGT
GTGTTAGTTTCGTGTGTGTTGCACCCAAATGAGTAAGAGACTGTCCCTTATTATCCCT
TGTATCCTGTGTATCCTGTGTGCCCTTTGTTCCCTACTTTATATAGGGTGTGTTATATGTT
ATACATTATTTATAATACACTTTGTAGCGTCCATTTTATCCATTTGTATCCTACAAGCCT
CCATTTTACTATGCAACCGATATCGGTTGCCTTTGACACACCTAACATTATACATTCTTA
TTGTTACATTATTTAAAGTTAAATCCTTTTGGCTCTGTTTAAGGCGCCAGTGAGCCAGT
GGCGCACCTTATATTACTCATCATCCTGTCCAGGTGCACTGCAACAATGGTTTGCAAAC
CTTGTTTTACCCTTACATAATAAACTGCTTTTAGGCACATATTTTCACTGTTTTTACTT
GCTTTAATTACACTATTGGCCTGTACAACCTACTTTTAGATTCAAGAATGTGCTTGTAGG
TTATATACCTGTCACCTGATTCTACTTTTATTGCAACCGATTTTCGGTTGGCCAAATCCTT
ACACATTATATA

>gi|27462483|gb|AF436130.1|_HumanPapillomavirus_type_74_subtype_AE10,_complete_
genome

ATGGAAAGTGCAAATGCCTCCACGTCTGCAAAAAGTATAGACCAGTTGTGCAAGGACTGC
AACATTCCCTATGCACAATTTGCAAATTTTCATGCGTGTTTTGCAGGAAAACCTTGTCTTGT
CCAGAGGTATATTCCTTTGCCTATAAAAAATTTGTATATAGTATACCGAGGAAACTTTCCA
TTTGCAGCGTGCGCCATTTGCTTAGAACTACAAGGTAAAGTAAATCAGTTTAGACACTTC
AACTACGCGGGATATGCGTTAACAGTGGAAGAAGAAACAAAGCAGTCAATTTTGGATGTG
CTAATACGCTGCTACCTGTGCCATAAGCCGCTGTGCCACGTGGAAGGACGACGACATT
TTGGAAGGCAAGATTTATTAACTAGGCGACACCTGGAAAGGGCGCTGCTTACATTGC
TGGACAACATGCATGGAATAATCCTACCTTAAAGGAAATTGTGTTACAGCTACAACCTG
ACCTTGTAGGCCTACTTTGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAAGAGGAGGTGGATGAAC
TAGCCACGCAAGCCACGCAACATACACAGCCTTACCAATAGTAACCTGCTGTTGTGTGT
GTAATCGCAGCCTTCGGCTTGTGTGTGTCAGTGTACAGGACCAGACATCAACAATCTACATA
CGCTTCTACTGGGTACACTGAGCCTAGTGTGTCCTCTGTGCGCGCCCAAAACGTAACGAC
ATGGCGGAAAAATACAGGTACAGAGGGGACGGGGTGCTCAGGGTGGTTTTTTAGTAGAAGCA
ATAGTAGAGCATAACAACAGGACAGCAGATTTTCAGAGGATGAGGATGAAACAGTAGAGGAT
AATGGGTCTGATATGGTAGACTTTATAGATGACAGGCCTATTACACACAATTCCTTGGA
GCACAGGCATTGTTAAACGAGCAGGAGGCGGATGCTCATTATGCAGCTGTGCAGGACCTA

AAACGAAAGTATTTAGGTAGTCCATATGTTAGTCCTTTGGGTAATATTGAGCAGTCAGTA
GACTGCGACATAAGTCCCCGGCTGGACGCTATAAAATTAAGTAAAAACCTAAAAAGGTA
AAGCGACGGCTGTTTGAACAAAGGAAATAACGGACAGTGGATATGGCAATCTCTGAAGTG
GAAACTCAAACGCAGGTAGAGAGCAATGGCGAACCGGAAGGTTGCGGGGGAGGTGGACAG
GGAAGGGACACAGAGGGGGAGGAAACGGAAGTACAAACAGATAGCGACACACAACAGCAG
ACAGCAACCACGCGGATACTAGAACTATTTAAATGTAAGGATGTAAGGGCTACACTTCTT
GGTAAGTTTAAAGACTGTTATGGGTATCCTATACTGATTTAATTAGACAGTTTAAAGC
AACAAATCAACATGTGGGCATTGGGTGGTAGCAGCATTTCGGGGTACATCATAGTGTAGCA
GACGCTTTTCAAAACCTAATACAGCCTGTAACAACATATAGCCATATACAATGGCTTACA
AATGCATGGGGAATGGTGCTGCTAGCATTATTAACATTTAAAGTAAATAAAAAACAGATGT
ACCGTGGCACGAATGCTGGCAACATTGCTTAACATTCCTGAGGACCACATGCTAATAGAG
CCACCAAAAAATACAAAGCACTGTGGCGGCCTATATTGGTTTAGGAGTAGTTTATCGAAT
GCCAGTATAGTACAGGGAGACACACCAGACTGGATAACAAGGCAAACCATTTGTGGAACAT
GGTATTGCAGACAATCAATTTAAATTAGCAGACATGGTACAATGGGCATATGATAATGAC
CTGTGTGATGAAAGTGAGATTGCCTTTGACTATGCACAACGAGCAGACATAGATGCAAAT
GCAAGGGCATTTTAAATAGTAATTGTCAGGCAAAATATGTAAAAGACTGTGCCACTATG
TGTAAGCATTATAAAAAATGCAGAAATGAAAAAATGAATATGAAACAATGGATACATTAC
AGGAGTAGTAAAGTTGAAGAGGCAGGAAATTGGAACCAATAGTACAATTTTAAACAT
CAAAATATAGAATTTTCCATTCTTAAGTAAATTAAAGCTGTGGCTGCATGGTACACCA
AAGAAAAACTGTATTGCAATAGTGGGACCAAGCAGACACAGGCAAATCATGTTTTTGCATG
AGTTTAATTAAATTTCTAGAGGTACTGTAATAAGTTATGTAAATTCAAGTAGTCACTTT
TGGCTTCAACGTTATGCAATGCAAAGGTAGCGTTATTAGATGATGCAACACAATCCTGC
TGGGTATATATAGATACATATATGAGAAACCTATTAGATGGGAATCCAATGAGTATTGAT
AGAAAGCATAAATCATTGGCATTAATAAAATGTCCGCCATTATTAATAACATCTAACATA
GACATTACTAAAGACGAGAAATATAAATACCTATTTAGCAGGGTGTGAGTATTTACATTT
CCAAATCCATTCCCTTTTGACAGAAATGGGAATGCAGTATATGACCTTTGTGAATCAAAC
TGGAATGTTTCTTTACAAGATTATCAGCAAGCCTAGATATACAAAACCTCAGAGGACGAG
GACGATGGAGACAATAGCCAAGCATTTAGATGTGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTA
TGAAGAAAATAGTAATAACCTTGAAAAGCATATACAACATTGGAATGTGTACGGCACGA
AAGTGTACTGCTACACAAAGCAAGGCAAATGGGCCTACACCATATTGGAATGCAAGTGGT
GCCCCACTAGCAGTGTACAAAACCAAGGGACATGAGGCAATTGAAATGCAAATGACATT
AGAGACATTACTAAAGTCCGCCTATGGTATGGAGCCATGGACATTGCAAGACACAAGTCG
GGAAATGTGGTTAGCCCCCTCCAAAATACTGTTTTAAAAAACAGGGACAACTGTGGAAGT
AAAATATGACTGCAAGGCAGACAATATTATGGAATATGTTATGTGGAATTTATATATAT
ACTGGACGGCGACGAATGGGTAAAGGTGGAAGGACAAGTTGACTATAGGGGGCTGTATTA
TGTACAGGGAGGGTATAAAACATACTACACAAATTTTGAACCTGAGGCTAAAAAATATGG
GAATACGTTGCAGTGGGAAGTGTGTGTTGGCAGCACAGTTATATGTTCTCCTGCATCTGT
ATCTAGTACTGTGCAAGACGTATCCATTGCTGGGCCTGCTTCATACCCCCACCACCACCAC
CTTTGCACAGGCCGCCCAACAGTGTCCACTACCGCCGCCGAGGATCACGTGGACGCGCC
GCCAGTAAAAAGACCCCGAGGACGTTCCACCAACACCAACACCACCAACAACCAACAA
CACCAGAAGCACCCTGTGTATCACAAACGGAGACTCCGTGGACAGTGCAACAACAACAT
CATCGCTAACCATTACAACAATAACAAAGGACGGGACAACCTGTTACTGTGAGCTACGCC
TATAGTTCAATTACAAGGTGACCCAAATGTTTAAAGTGTTTATAGATACAGATTACATGA
CAAACATAAACACCTGTTTTTGTGAGCATCCTCCACATGGCATTGGACCAGTCCCCTAT
ACCCACAAAACATGCACTAGTAACACTAACATATGCTAATGAACAACAGCGACAACAGTT
TTTAGATACTGTAAGACTACCTACAACAATTAGTTATAAGTTGGGATATATGTCATTACA
ATTGTTGTAATAGTGCATTGTAAATATTGTATGTATTGTACATGGACCTAATACCTATAG
ATGGTACTATAGGAACAACAGCACCTCCATACTGCCAGTTGTAATAGCTGTTTTTGTAT
GTATTGTTAGCATTGTATTATAATTATAGCAATAACTGATTTTTTTTGTATATACATCCATAC
TGGTACTAACACTCATTCTATATTTATGCTTTTGGCTTTTACTAACATCTGCTTTGCAGT
TTTATACACTAACCTGTGTGTGTGCTATCTACCTGCGTTTTCTTTGCATTTATATATTT
TACATAATTTAGAGTAACTATTACAATGCTAACATGTACATTGGATGATGGTGATACATG
GTTGTTATTATGGTTGTTAACTGCACTTATCGTAGCTATTCTTGCATTATTGTTAATGCA
TTTCAAGGGTGTAACGCCTTCTGTATGCAGTAAATAAGTGTTTTTATACATGCTGTGTAT
GGTGTAATTATGGCACATAGTAGGGCTCGTCGGCGTAAACGTGCATCGGCCACCCAATTA

TATCAAACCTGTAAGGTGTCAGGTACATGTCCCTCTGATATTATACCTAAAATTGAGCAT
AATACTATTGCAGATCAAATATTAAAGTGGGGAAGTTTAGGGGTGTTTTTGGGGGGCTT
GGCATTGGTACAGGCTCTGGTACCGGTGGCAGGACCGGTTACATTCCTTTACAGTCTGCC
CCACGCCCTGACATTCCTTCTGGGCCTGCTGCACGTCCGCCCATTTATTGTTGATACAGTT
GGCCCTGGTGACCCCTCTATAGTGTCTTAGTTGAAGAATCTGCTATTATTAATTCTGGG
GCTCCTGAGGTGGTGCCCCCTTCACATGGGGGGTTTGAAATTACTACATCTGAATCAACC
ACACCAGCTATATTAGATGTCTCTGTTACAACACACAACACTACCTCTACAAGTGTATTT
AGAAATCCCTCGTTTTACTGACCCCTTCTGTTATACAGTCTCAACCCCCGTAGAGGCTGGT
GGTCATGTGCTGATTTCTCTCTCTACTGTTTCTTCCCATCCAGTAGAGGAAATACCTTTA
GATACATTTATTGTCTCTCTCTGATAGTAATCCTGCATCCAGTACTCCTATTCTTACA
GCTGCTACACGTCCTCGTATTGGTTTTATATAGTAGGGCCCTGCATCAAGTACAGGTCACG
GATCCTGCTTTTTTGTCCAGTCTCAACGCCTTATAACCTTTGATAATCCAGTATATGAA
GGTGAGGATGTTAGTTTGCAATTTCAACACAATAACAATACATAATCCTCCTGATGATGCC
TTTATGGACATTATTCGCCTACACAGACCTGCTATAACGTCTCGACGTGGTCTTGTACGG
TTTAGTAGAATTGGGCAACGGGGGTCTATGCATACGCGCAGTGGTAAGCATATAGGTGGA
CGGGTGCATTTTTTTCAAGACATTTCTCTATATCTGCTGCAGAATCTGCTGCGGAAGAA
ATAGAGCTGCACCCCTCTTGTGGCTCATGCACAGGATAGCAGTGGCTTATTGATATTTAT
GCAGAACCTGACCTTGAGGTTATGGAGGAACAGTTCATTGTCTGTTTTCAACATCCACA
CCCTTTCAGCGGTGCGTGTGTGTCAGCCACATGGGGCAATACTACTGTCCCCCTTTCATTG
CCAGGTGACATGTTTTATACGCCCTGGTCTTGACATAATGTTTCCAACATGCATCTTCTACA
ACGCCCTATAGTCTGTTACTCCTGCTTTACCTACAGGTCTGTTTTTATAAATGGTTCT
ACATTTTATCTATATCCATCATGGTATTTTGCACGCAAACGCCGTAAACATGTTCCCTTG
TTTTTTACAGATGTGGCGGCCTAGTGACAACCAGGTTTATGTGCCTCCTCCCGCCCCCTGT
ATCCAAGGTCATTACCACGGATGCTTATGTTACACGCACCAACATCTTTTATCATGCTAG
CAGTTCTAGACTACTTGCTGTAGGAAATCCCTATTTCCCTATAAAACAGGTAAACAAAAC
AGTTGTTCTAAAGTGTCTGGATATCAATTTAGGGTGTTTAAGGTGCTTTTGCCAGATCC
CAATAAATTTGCTTTACCTGACACTTCGTTATTTGACCCCTCCAGTCAACGTTTGGTATG
GGCCTGTACGGGTTTGAGGTAGGTAGGGGACAGCCTTTAGGTATTGGCATTAGTGGTCA
CCCCTTATTAATAAATTAGATGATGTGGAACCTCCGCTAGTTATGCAGCCAATCCTGG
TCAGGATAACAGGGTTAATGTTGCTATGGATTATAAGCAAACACAGTTATGCATGGTAGG
CTGTGCTCCCCGTTGGGTGAACATTGGGGAAAAGGCAAGCAATGTTCTAATGTTACTGT
AAAGCCAGGCGATTGCCCTGCATTAGAATTAATTACTAGTGTAATTCAGGATGGTGATAT
GGTAGATACAGGCTTTGGTGCCATGAATTTTGTCTGAATTGCAGCCTCTTAAATCTGATGT
TCCTTTGGACATATGTAACACTACATGCAAATATCCTGATTATTTACAAATGGCTGCAGA
TCCATATGGGGATAGATTGTTTTTTTACTTACGCAAGGAACAAATGTTTGCAAGGCACTT
TTTTAATAGGGCTGGAACAGTGGGTGAGGACATTCCCCAGGACCTATATATTAAGGGTAC
TACACGTGGTACACTTGCCAATGCTATTTACTTTAATACCCCAGTGGTTCTCTTGTGTC
TTCTGAAACACAGTTGTTTAATAAGCCCTTTTGGCTACAAAAGGCGCAAGGCCACAATAA
TGGCATTTGTTGGGGTAATCAATTGTTTGTACAGTTGTGGATACCACACGTAGTACTAA
CATGACAGTGTGTGCGCTACTACACAATCCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGA
CTACAAACAATACATGAGACATGTGGAGGAATTTGATTTGCAATTTATTTTTTCAGTTATG
TAGTATTAATAAATTAAGTGTGAGGTTATGGCCTATATTCATACTATGAATCCTACAGTTTT
AGAAGACTGGAACTTTGGCCTAACACCTCCCCCAATGGTACTTTAGAAGACACCTACAG
ATATGTGCAGTCTCAGGCTATTGCATGTCAAAAGCCTACTCCTGATAAAGCAAAGCCTAA
TCCCTATGCCAATTTAAGTTTTTGGGAAGTAAATCTTAAGGAAAAGTTTTCTAGTGAGTT
GGATCAATACCCCTTGGTAGAAAGTTTTTATTGCAAACAGGCGTGCAGGCGCGCTCTTC
GGTTCGTGTAGGTAAAAAGCGTTTCGGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAA
ACGCTCTAGGAAACGATAGCATGCTTTTGTGTTGTGTTATATGTTGTTGCATGGTATA
TGTGTCATTGATTATATTGTGTGTCATATGTTGTGTATGGTTTATGTTGTATGTACTTG
TGTGTGATATTGTATGTGTGTCATGTTGTGTAATGTTGTATGTACTGCCTGTATGTGTTTAC
TGTTGTATGTACTGCATGTATGTGTTTGTGTGTACAATAAACTTTATCTATCCCTGTGT
CCTGTTTTTACCCTGTACGTGTGTGCTTGTCTTATAATTCTATATACCTAATTTACCTTT
TTATAACCCCTTCCCTCCATTTTTTAGTGCAACCGTTTTTCGGTTATTACTCATCTCTCCAC
ATCCTGTAACCAATTTGTTGCAGCAAGCATTTTATGTAATCCTATATACTGTTTGCCAAG
GTCATACTGTGTTGCCAAGTACACACCTGGTGCACAATTAGGCGCGGTTTTGGCATCCAC

ATAATACATTCTAATCTATATAAACTCCTGTCTGCCTGTTTAAACAATTGGGTACTTTG
TTAATACATTTTGTAGTTGGTAGCCAACCTTTTAAAAGCATTTTTGGCTGCCAGTACCAC
ATTTTTCTAAAGTTACTGTTAGGTTTATAAAATGAGTAACCTAAGGTTACACACCTGCAA
CCGGTATCGGTAAACACACGCCCTCTGCACTTCCTTATTATACATAATAACAATTTTACC
TTTTTGAAAAATAGGAGGAACCGAAATCGGTTCCAACCGAAAACGGTTATATATAAACCA
GCCCAAAATTAAGCAAGCGGGGCATA

>gi|6970418|dbj|AB027020.1|_Human_papillomavirus_type_69_DNA,_complete_genome

CTTTTAAACAATCATAGTTTTATAAAAGGGTGTAACCGAAGCGGTTTTAAACCGAAAACGGT
GCATATAAAAAGTAAAAGACACAGCCATACACAAAACCAGCTATGTTTCAAGATCCCAGAG
AAAGACCACGAACGATACATGAACCTATGTGAAGCTTTGAATACACCTTTGCAATCTTTGC
AGGTACAGTGTGTATATTGCAAGAAAACATTAGAATGGGCAGATGTATATAACTTTGCAA
TATGTGATTTAAGAATAGTGTATAGAAATGATAGTGCATATGGTGCATGTAAAAAATGTA
TAATATTCTATTCAAAAATAATAGAATATAGACGCTACACATCGTCTGTGTATGGTGCAA
CACTGGAAGCGCGTCTTAAACGAAGTTTGTGTAAATTTGTTAATAAGGTGTCATAGATGCC
AAATACCATTGGGACCGGAAGAAAAACAGAGAATTGTGGATGAAAAGCGACGGTTCCATG
AAATAGCAGGGTACTGGAAAGGGTTGTGCACAACTGCTGGAGACCAAGGCGCGAAGCAA
CAGAAACACAAGTATAAATAACAATGCATGGAGACACAATTAATATACAGGATGTTATAT
TAGATTTGGTGCCGCAACCCGAAATTGACCTACAGTGTACGAACAATTGGACTATGAAC
AATTTGACAGCTCAGAGGAGGATGAAACAGATAAATGTGCGTAACCAGCAAGCCAGACAAG
CTGAACAAGAAGCGTGTATTAGAATAGAAGCGGAATGTTGTGTATGTAATAGTATAGTGC
AGCTAGCTGTACTAAGCAGTGCACAGAACCTCCGAGCGGTGGAGCAGCTGCTGATGGGCG
ACGTGAGTTTGGTGTGCCACCAGTGTGCTACATACTAAACCTGCAATGGACTGCGAAGGT
ACAGATGGGGAGGGGTGGGGTGTACAGGGTGGTTTTTCAGTAGAAGCAATAGTAGAAAAA
CATACAGGAGAAACAATATCAGAAGATGAAATAGAGTATAGTAGCGATACAGGATCAGAC
CTAATTGGATTTATAGATGATAGTAATATTAGTGTGGGGCAGAGCAACAGGTAGCGCAG
GCATTGTTTCAGGCACAAGAAACACAAGCAAATAAGAAGGCAGTGCGTGCATTAAAACGA
AAGTTACTAGGTAGTCAGAACAGCCCGTTGCAAGACATAACAAATCAAAGCAACAGTCAG
CAGAGCACAGACGAAGTAAACAATTTACAGGCTAAAAGGAGAGCAGTGGACAGTGTTCG
GACAGCGGGTATGGCTATACTGAAGTGGAACTCTTACGCCAGTACAGGTAGATAAACAC
AATGAACAAAATGGCGATAGTGTGTGTAGTCAGGGGGGGTCAAGTGGATCTGTATCAGAC
ATGGAGGTGGACATAGGAGCACAGGCAAGTAGTGTAAACAAAATATGTGAATTGTTAAAA
TGTAGTAATGTAAAAGCAGCATTATTAAGCAAATTTAAAACAGTATATGGTGTAAAGTTAT
ACAGAATTAGTACGAGTGTTTAAAAGTGATAAAACATGCTGTTCAGATTGGGTATGTGCA
GCCTTTGGTGTGGCAGGCTCTGTAGCAGAAAGTTTAAAACACTAATACAACCATATTGT
TTATACTATCATATTCAATGCTTAACATGTAATTGGGGAGTACTACCACTAATGCTAATA
CGATTTACATGTGCCAAAAATAGAGCAACAATTAAAAAATGCCTGTGTACGTTACTGAAT
GTGCCAGACACACAGTTGTTAATAGAACCACCAAAATTACGTAGTACAGCAGTTGCATTA
TATTTTTATAAAACAGGATTATCAAAACATAAGTGAAACACATGGGGACACACCAGAATGG
ATAGTAAGACAAACACAATTAGAACATAGTTTTGAAGATACAATATTTGATTTATCAAAA
ATGGTGCAATGGGCATTTGATCATGACATAACAGATGACAGTGAATTTGCATTTAAATAT
GCACAATTGGCAGACATAGAAAGTAACGCTGCAGCATTTTTTAAAAAGTAACTGTCAGGCA
AAATATGTAAAAGACTGTGCAACTATGACAAGACATTATAAAAGAGCACAAAAACGATCC
ATGGGCATGTCAATGGTTACAACATAGGTGTTCAAAAATAGAAGATGGAGGAACGTGG
AAGGACATAGCAAGATTTCTAAGATATCAAAATGTTAATTTTATTTATTTTGTCAAGTA
TTAAAACAGTTTTTAAAAGGAACACCTAAACACAACCTGTATAGTAATATATGGGCCACCA
AATACTGGTAAGTCACAGTTCGCAATGAGTTTTATAAAATTTGTGCAAGGGTCTGTCATT
TCATATGTAACTCTAACAGTCACTTTTGGCTGCAGCCATTAGAAGATGCAAAGGTGGCA
TTATTAGATGATGCTACATATGGCTGCTGGCTATACATAGATAAATACCTACGTAATTTT
TTAGATGGCAATCCCTGTTGTATAGATAAGAAAACATAGAAGTTTAAATACAAGTAAGATGT
CCACCATTAAATAATTACCTCAAACATTAATCCACAAGACGACAATTCATTAAATGTATTTA
CATAGTAGAGTAACAGTTATACCATTTCCAAATACATTTCCATTTGACAGCAATGGGAAT
CCTGTATATGAATTGACTGATGTAAATTTGGAAAAGTTTTTTTTTCCACCCTTGGTCCAGA
TTAGATTTGGAGGAGGACGCGGACAAAAGAAAATGGAGAACCTTTGCCAGCGTTTAAATGC
GTGCCAGGAGAAAATACTAGACTATTATGAACTGGACAGTGACAAATTAAGTGATCAAAT
TGACTATTGGAACTGGTGCGATATGAATGTGCAATATTTTATAAAGCTCGTGAAGGGA

TATGCAATGTATTAACCACCAGGTGGTGCCATCGACAACAGTGTGTAAAGAAAAAGCTTG
GCAGGCAATTGAATTACATATAGCATTACAGTCTTTAATGAATTCAGAATATGGAAAAGA
GAAATGGACTATGAGAGACACGTGTTATGAATTGTATGTGACAGAGCCAAAACACTGTTT
TAAAAAAGAAGGGACAACAGTAACAGTTGTGTTTGATTGTAATAAGGAAAAATACAATGGA
CTATATTAGGTGGACATCTGTGTATTATAAAACAGATATGGGATGGTGTAAAACAAATGG
AGAAGTGGATTATAAGGGGATATACTATATGCATGGGTGTTGTAAACAGTACTATGTGGA
CTTTAAACAAGAGGCGTTAAATATGGGACTGGTTTGCAATGGGATGTACATGTGTGTGG
TCAGGTAATATGTTGTCTGAATTTGTATCTAGTACCTCCGGGGACCAAATATCCACTGC
TCAAACCTGCTGAACCACTATCAAACAACACCACCCAGACCCCCGAAACCACCTGTGTGCC
CCGGTGCACCGAAGAAACCCCGGCGCCAGAGACAGCAAAGCGACGACGACTTAGTGGACC
CAACACCCCTGTCACCACCACCAGTGTTACAAGGCCCAGAAGTTCCTTGGAGCATAACAGA
CAACGTGTTACACAGTAACAGTGGAAGCAACAACCCGGAAGGGGCACGTGTAGTGACCA
GACTGTGTTTATAGTACATTTAAAAGGTGATACAAATTGTTTAAAATGTTTAAAGGTATAG
ATTTAAAAAACATAAGGGATTGTATTGTAAAGTGTCATCTACCTGGCATTTGGACCAGTAA
TACTAACCAAGGCATTGTAACAATTACATTTGATAGTGAAACACAACGTGCTAGTTTTCT
TACAACTGTTAAGATACCACAGAGTATAACATCAACATTGGGTATAATGTCATTGTAATC
TATAGTGTAACATATATACATCCCACAAGCCAATATGTGCTGCTAACTGTATATACATAA
CCATTTTACTACTTGTAAATTGTGTTTGTGCTTTGCGTGTGTGTGTGTTTGTGCTGTGTC
GTTTGTGTCGCGCTTTTGTCTATATACACGTGTTTGCAGCCCATTTATTAATAATTATAT
GTTTTTGGTTGTGGTTTCAACATCATTTACAGCTACGTTTTTTTGTATATATTTGTTTGT
TTTATATACCTGCATTTTTTGTACATTTTTATGCTGTAATTTTACTACCTAATGGTTTTAT
AAATAAACACTTCATAATGGTGGCTGTTTCGTGCATCACGACGCAAACGAGCATCAGCAAC
AGACCTTTTACAAAACCTGTAAAGCAGCTGGCACATGCCCTCCTGATGTTATACCTAAAAT
TGAAGGCTCTACTCTTGCTGATAAAATTTTACAATGGAGTGGGTGGGAATATTTCTTG
TGGACTTGGTATTGGCACAGGAACAGGTACTGGTGGGCGTACTGGGTATATTCCTCTGGG
TGGTGGTGGTAGGCCTTCTGTGGTTGATATTGGCCCTACTAGGCCTCCTATAATAATTGA
ACCTGTGGGCCCCAAGTGAACCTTCCATAGTTACTTTAGTAGAAGAATCAAGTATTATACA
ATCTGGATCTCCATTTCCTAATTTTAGTGGTGGGGATGGGTTTGAGGTCACCTCCTC
TACTACAACCCCTGCTGTGTTAGATATTACCCCTCCCTGGAAGTGTACACGTTACCAG
CACAAATATACAAAACCCATTATATATTGAACCACCTGTAGATATTCCCTCAGTCTGGAGA
GGCTTTAGGACACATTTTTTACTAGCACATCTACTGCCGGTACACACAGTTATGAAGAAAT
ACCTATGGAGGTGTTTGCATCTAATACTAGTTCCGGGTCAAACCTATTAGTAGTACCCC
TATACCTGGCATACTAGGGTTGCTGCTCCTAGATTATATAGCAAGGCCTATCAACAGGT
TAAGGTCACTGACCCCAATTTTATTTCTAAGCCTTCCACATTTATTACCTTTGATAATCC
TGCATATGAACCTATGGACACTACCTCACATTTTCTGCAGATAGCCACGTGGCCCCCTGA
TCCTGATTTTTTTGGATATTATTGCATTGCATCGCCCTGCTCTTACTTCTCGCAGAGGCAC
TGTAAGGTTTTAGCAGGTTAGGTCAAAAGGCCACACTTAAACACGTAGTGGTAAACAAAT
TGGAGCTAAGGTACATTATTATCATGACATAAGTCCTATACATGCTACAGAGGAAGCTAT
TGAATTACAACCTTTAATTACTTACAGAACAGCACTCTACACCATTGTTTGTATGTTTATGC
TGATGCTGACCCCTGCCCCCTACATTTACATTTCCATCTACTACACCTACTACAATCCCTAG
ATTTTCTTCTACAATATTTTCAACCACTAGTAGTGACCCCTAAATGTTACCATACCTCT
ATCTACATCATTTGATATACCTATATATAACGGGCCCTGACATTTATGCTCCTGTACCTTC
TTCCACATGGCCTTATATTCCACCTCCACCCACCACCATGTCACATTCGGTAGTTGCACA
AGGGGGTAATTATTTATTTATGGCCTTATATTTATTTAATTCATAAACGCCGCGTAAACG
TGTGCCTTGTTTTTTTTTCAGATGGCCTTGCGGCGTACTAGTGACAGCAAGGTATATCTGC
CTCCTACCCCTGTGTCCCGGTTGTGACAGCGATGAATATGTACACGCACCGGATATATT
ACTATGCAGGCAGCTCTCGATTATTAACCTTTGGGTCATCCCTATTTTCCAATTCCTAAAT
CTGGTTCAACAGCAGAAATTCCTAAAGTGTCTGCTTACCAATATAGGGTTTTTCGTGTTT
ACCTTCCAGACCCTAACAAATTTGGGTTGCCTGACCCCCAGTTATATAATCCCGAAACAG
AACGGTTGGTATGGGCTGTGTTGGTGATAGAGTTGGCAGGGGACAACCGTTGGGTGTTG
GGCTAAGTGGGCATCCTTTATTTAATAAAATTGGATGACACTGAAAATTCACATCTTGCCA
CTGCTAATGCAGACACTGATAATAGGGACAACGTGTGTGTAGATAATAAACAACTCAGT
TATGTATTATTGGATGTACCCCTCCTTTAGGTGAACACTGGGGCGTTGGCACTGTATGTA
AAAATGCACAGTCTCAGGTACAGCGTGGCGATTGTCCACCTTTGGAACCTTATTTCCAGTG
TTATTGAGGATGGTGATATGATTGATACTGGCCTTGGTGCCATGGATTTTACAGCTTTGC

AAGCTACAAAATGTGATGTGCCACTTGATATTAATCAATCTATTTGCAAATATCCAGATT
ACCTTAAATGTCTGCAGATACGTATGGAAACAGCATGTTTTTTTTCTTCGTCGGGAAC
AATTGTTTGCCAGACATTTTTTTAATAAAGCTGGCACTATAGGTGATTCTGTACCAGTAT
CTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCCAACCTCTATATACTCAC
GTACGCCCTAGTGGCTCCATGGTGACCTCTGATGCTCAATTGTTTAAATAAACCTTACTGGT
TACAGCGTGCCAGGGTCATAATAATGGCATTGTTTGGGGCAACCAATTGTTTGTACTT
GTGTAGATACTACCCGCAGTACCAACCTCACTATTAGTACTGTATCTGCACAATCTGCAT
CTGCCACTTTTAAACCATCAGATTATAAGCAGTTTATAAGGCATGGTGAGGAATATGAAT
TACAGTTTATATTTCAATTGTGTAAAAATTACTCTTACCACTGATGTAATGGCCTATATCC
ATACAATGAATTCTACTATTTTGGAAAAATTGGAATTTTGGCCTTACCTTGCCTCCTACTG
CTAGTTTGGAAAGATGCATATAGGTTTATTAAAAATTCAGCTACTACATGTCAACGCGATG
CCCCTGCACAGCCCAAGGAGGATCCATTTAGTAAATTAATAATTTTGGGACGTTGATCTTA
AAGAAAAGTTTTCTATTGATTTAGATCAATTTCCACTGGGCAGAAAAATTTATGCTGCAGG
CTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCACCAAACGTCCAGCTTCTTCCTTATCTGCAT
CTTCCTCCTCTACCACACGTAAAAAACGCAAACTTACTAAGTAATTCCACATGGTTGTGT
CAGTGTATAGTTTTGTATGTGTGTAATGTAAGGTGTGTTGTGTTTGTATGTATAATTGTA
TGTTTTCTGTGTGTGTTTGTATGTATGTATGTATGATTATGTGTTTTCTGTGTTGTGTGG
TTTACTGCATGCTTGTTATTTAATAAACAATGAATGTGTTGTATTTGTTATTTCTTCCTC
CGTAGGGTATAGGGAAGTAACCTTAGGTAGTGTGTTTAGGTGGTGTTCCTTTTGCGAACCG
AATTCCGGTTGCATTCACCTTATATTATATTTTGCAGGAACGGTTAATCCTTTGGGCACAC
AACACATCCTGCCTCCTACGCTTGGCTTGCCTTAGACGTGGCTCACCTACATTACTCACAT
ATCTTTTAACAATAGTTGCATACGCACCTTTTTTTTTGATTATAATAAAACTGCTGTTAGGC
ACATATTTTTTATTGTATACATGGGTTTTACTAAGTGCATAGTTGGCTAGCAGTTTTACTG
TTTTATGCCAACTATATGTCTGACACATTTCCTTTTAACAATAAAACTGCTGTTAGGCACA
TATTTTATAAGCTACTTAGACACAGGTGTGGTAACAACCGAAATGTGTTTTGCCTTTACA
TGCAACTTTCTTTCTAATAA

>gi|22023568|gb|AF419318.1|_HumanPapillomavirus_type_91,_complete_genome

ATGAGTAAGTACTGTGTTAGGCACACCTGCAGACCGAAACCGGTGCTGCACACCTTACA
TTCTTTGTGGTTATTAGTAACAATTATTATGCTTGTACTAAAGGGAGTAACCGAAAACGG
TCCGACCGAAAGCGGTACATATATAAACCACCCAAAAACATAGCTTGTGGGGCATAATG
TCTGCACGTAGCTGCTCCCAAAACGCTAAGACCATATTTGAGTTGTGTGACCAGTGTAAAC
ATAACTCTGCCTACTCTGCAAATTAGTTGTATATTTTGAAGAAGTGGTTGACAACCACG
GAAGTGTGTGCTTTGCATTTAGGGATTTAAAGGTTGTGTGGCGCGACAGTTATCCGTTT
GCAGCGTGTTTGGCCTGCTTAAATTTTATGGTAAATAAGCCAATATAGGCATTTTAAG
TACGCGGCATTAGCAGTAACAGTAGAGGAAGAAACACAACAACTGTATTTCGAGTTGTGC
ATTTCGCTGTTGTAAGTGCCACAAGCCATTGTCGCCTATAGAAAAGGTGCAGCACATTGTG
CAAAAAGCCCACTTTTTTTTACATAAGTAACGCGTGGAAGGGATATTGCCCTACACTGCTGG
AAGTCATGTATGGAAAAGAGCCGACGCTCAGAGACTATGTGCTAACCTTGCAACCAGAAC
CTAGAAGTTTAAACCTGTGACGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAGGATGAGCGTGAGC
AATCCACGCAACAGGACCAGCAAGTGGACCTACAAGTTTACAAAGTTGTAACCGAGTGCA
CCTCTTGTTATTGTTCAATTTCGTCTTGTTGTGAAGTGCTCAAGCAGTGACATCAAGACGC
TGGAGGAGCTGCTGTTGGGGACATTACAAATTTGTGTGTCCCTTGTGCACTACAGCTGTGT
GACTGCAATGGCTGATAAACAAGGTACAGAGGATGAGGGGTTGGGATGTTTCAGGCTGGTT
TATAGTAGAGGCCACAGTAGACAAAACACGGAAAATGATATATCAGAAGATGAAATTGA
GGAGGAAGAGGATAGTGGGTTTGACATGGTAGATTTTATTAATAATACATTAGAGGACAG
CTGTGCAGAACAAAGCTGTGCGCAGGCCCTGTTGAATAAACAGCAAGCGGATGCTGATGC
TGCTATAGTACAGGAGCTAAAACGAAAGTATATTAGTCCATATGTAAGTCTTATACAGTG
TTTACAGGAGTCTGTGGACAGGGACCTAAGTCCTAGGTTGCATGCCATAAGATAGGAGG
CGGACAAAAGGCAAAAAGGACACTGTTTGAACCGACAGAGCAGCGGCATAGTAACATATGG
CAATTGTGAAGTGAAGCAACTGAGACAGGTAGATGTGGAAAATGGCGGACCGGAACG
CCATATGGGGGCCATACAACATTGTGGGGAGGGGGGGAGTAGTGTGGCGGAAGCAGTGCA
AGTAGTAGAGGAAGAGGGTGTAAACAAACAATAGCCAGACTACAGGAGAGCAAAGCCACG
CACGCGTATTGTAGAATTATTTAAAGACAAAGATGTTACTGTGAAACTCTTAGGTAAGTT
TAAAGACTTATTTGGCGTGGGATTTAATGATTTGGTAAGACAGTTAAAAAGTGATAAATC
AACATGTACTGATTGGGTATATAGTGTATTTGGTGTTAATCCATCAATAGCAGAAGGATT

CCATATGTTATTAAAAGAACAAACATTATACCTACATACCCAATGGGTTACATGCCGATG
GGGGATGGTGTGCTTGCATTGTGTAGATATAAGGTTGCCAAAAATCGCAGTACAGTCGG
TAGACAGCTTGCACAAATGTTAAATGTACCTGTGCAACAAATATTGATACAGCCTCCAAA
ATTACAAAGCGCTCCAGCAGCACTGTTTTGGTTTTAGAGCCGGTATGGGAAATGGTAGTGA
AGTATCGGGCACAACACCGGAATGGATAAGTAGACAGACAGTGTTAGAACACAGTTTTTGC
AGACACACAGTTTTAGTTTTAACAAATATGGTGCATATGGGCATATGATAATGGATATACAGA
AGAATGTGACATAGCTTATTATTATGCACAACCTAGGAGACACGGATGCAAAATGCCGCTGC
ATTTTTAAAAAGTAATATGCAAGCTAGGTATGTTAGAGATTGTGCATGTATGTGCAAACA
TTATAAGCTAGCAGAAATGAAAAAATGTCTATGGCAGAGTGGATTAAAGCATAGAGGAGA
GAAGTGTAATGATGGGGACTGGAAACCTATAATACGATTTTTTAAGATATCAGCATATAGA
TATTATTACATTTTTTAGCAGCCTTAAAAAATGGCTGCATGGCATAACAAAAAATTTG
TATTTGCATAATAGGGCCGCCGACACAGGTAAATCAAGTTTTTGAATGAGTTTAATGAA
GTTCTTAGGCGGCACCTATGTTATCATATGTAAATCAAGTAGCCATTTTTGGTTACAGTC
CTTAGTAGATGCAAAGGCAGCCATGTTAGATGATGTTACAGCAGCATGTTGGAATTACAT
GGATATGCATATGCGAAATTTATTAGACGGCAATCTTACAAGTATTGATAGAAAGCATAA
AGCATTAGCAGTTATAAAGTGTCTCCGTTATTACTAACATCCAACATGGATATTAATAC
AGATGATAAGTATAAGTATTTAAAAAGTAGAATTACAACATTTACATTTCTAATGCATT
TCCATTTGATACTAATGGCAATGCAATTTATGAGTTCAATGATGAAAAATGGAACCCCTT
TTTTAAAAGGTTGGCATCAAGTCTAGAACTGGAACTGCAGAGGACGAAAAATGGAGACAC
TAGCCAGGCGTCTAGATATGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAAGTGTATGAAAAAGACAGCA
GAGATCTGCAGGACCATGTGTTGCATTGGAAATGTATACGTTATGAGTGTGCATTATATT
ATAAAGCAAGAGAAATGGGCATCAAACATCTAGGCCACCAGGTGGTGCCAAAGCTAGAAG
TATCACGAGCAAAAGCACATGTGGCAATTGAAATGCAATTATCATTAGAATCATTATTAC
AAACTGAATATAGCATAGAGCCGTGGACACTACAGGACACATGTCAAGAACTATGGCACA
CGGAACCAAAAAAATGTTTTAAAAAACGGGGACAGACAGTAGAAGTGAGATTTGACTGCA
ACCCTGAAAAATACAATGCAATACACCTTATGGTCAGAAATATATGTACCCGTGAATGACA
CGTGGGTAAAAGTACATGGCCATGTGGACTATAAAGGCCTTTCATATACTGTGTGTGGGC
AAAAAACATATTATGTAGATTTTATTAAGGAGGCACAAACGTATGGGGATACTGGACAAT
GGAACGTTGTTGTGGGCTCAAACGTATATCTTCTCCTGCATCTGTATCTAGTACTGTCA
CCGAAGTATCCTCTGTTGCGTCTACTGAACCCGACTCCAGAACAGCGACCACCGTCCCAG
ATTCCACGTGCACCCAAAAAGACTACGAGGAGCAAGCGCCGCTAGAAAGCGAGTGCAT
TCGAGCCCCACACAACCCAGATCCCCGTACCTTGGCCAGAAGTGTGGAGGAGAGCCAT
TGGACAGTAGAGACCCACGAATCATCCCTAAGCATTCGAACCACAACCAAGGAGGGCACA
GTGGTGGAAGTAACGCTACGCCTATAGTTCAATTACAAGGTGATGCTAACTCACTAAAAT
GTTTTAGATACAGATTGGGCAAATATAAATATTTGTATGTTGATGTGTATCTACATGGC
GATGGACAACAGAATCTAATAAACAACAAACAGTGCATTAATTACATTAACATATGCTAGTG
TACAACAAAGGGAGGCGTTTTTTAGCTAATGTAAAAATTTCCACAACAATTAACATTGTT
TAGGATTTTTTAACAATTATGTAAATAGTACCCTATGAATTTGTAAAACTACCTTGTATAT
TGCTTGTATAGTGGAACCTGTTACTGTGACGTTAAGGGTGTGTGTAACACTCTAACCACACA
ACCAGCCAACCTGCTGCTATTTTTGTTAATAGATGTAAAGCTTGGCATTTTATTAGTTAA
TGTGCTTGTGTTGCATAATTGCTGTATTGGTGTGCGCATGGTTTGGCGACAACCTGGTGTG
GGCTTCTGTGCTTGCTTCAGCTTCTATACTTTACTTTTTATCTTGGTCTGCACTTATATC
ACTTACTAACGTGTTTATATTAATACTTGTAGTGTGGTTTGTACCGGCCCTTTTATTACA
TTTACATATTACATATTACATTGCAAATTGAAACACAGCAATTGTAAATACATTGGTGTG
CATATATTTGTACCTAGCATTATGTAACTTGTCATTTGATGATGGTGATTCATGGATG
TTGTTATGGCTACTTGTAAACATTTATAACTGTATTGTTGATGTTATTAGTGTTTCATTAT
AGGACAGTTAAGCTGCTGCCCTCCAGCAAATAAACAAATTAATTACTGTGTTTATATAAA
CATGGTTTCTTATACACTTAAAAGGCGCAAGCGCGCTCTGCTACACAATTATATCAAAC
ATGCAAGGCTGCAGGCACCTTGTCCTCTGATGTAAATTAACAAGGTTGAGCATACTACAAT
AGCAGATCAAAATTAATAATGGGCTAGCATGGGTGTGTATTTTGGAGGGTTAGGCATTGG
AACTGGCTCTGGAAGTGGAGGAAGAACAGGCTATGTACCTATTCCAACAGGTGCGACAGG
TACTGTTCCATAAGTTAGTGCAGAGCCTGGGGTAGTGTACAGTCTCCAGTTGTAATAGA
ACCTGTGGCTCCAACCGATCCTTCCATTGTTTCATTAATTGAAGAATCAAGTATAATTGA
GTCCGGGGCTCCAATCACAACCTATACCATCCCATGGTGGTTTTTGGAGGTAACATCATCTGG
GTCAGATGTCCAGCCATTTTAGATGTGTCCACCAACAACATCTGTGCATGTTACCACCAC

TACACATTTAAATCCTGCATTTACTGATCCTGCAATTGTACAACCCACCCCACTTGA
GGCTGGGGGACGTATTATAATTTCCCAATCTACTATTACAGCCCATAGTGCAGAAGACAT
TCCTATGGATACATTTGTTGTGCACAGTGATCCACTAACTAGTACGCCTATACCTGGTAA
TGCCTCACGACCTCGTTTtaggcctttacagtaaggctttacagcaaatagaaattgtaga
ccctgcctttttgtcctcccccaacgtttaattacatatgacaatcctgtgtttgaaga
tccagatgctacatttagcatttgagcagccaacagtacatgaggccccctgactctaactt
tatggatatagtaacgttacatagacctgcattaacatctagacgtgggtcttgtagatt
tagtaggggtggg'gcacgtgggtaccatgtatatcacgtagtgggtattcgtattgggggtcg
tgtacacttttttaaagatatagttccaattgcaacacaggaatctattgaattacagcc
cctaggacatttctactgttaattgttcctgatgccactgacttgtagatatttatgcaga
tgatagcatttttagatgtacctcataccaaaccaatgtgtctacactgcctaacacaac
aaaaattgttaacactacagtcccaacttgcaacagtacctgatatatatacacaaagcagg
acctgatattacatttctacagtgccacttagtgtcccctatgtgccattgtcaccgctc
tgttacaccttctgcagtatcaatatatggcacagattttttattttacatccttcattgtt
gcatttttggcacaaacgccgtaaacgtatttcataatttttttgagataactatgtggcggc
ttaatgacaacaaagtatacctgcctcctccaggccctatagcatctattgtaagcacag
atgaatatgtgcagcgcaccaacttattttaccatgctggcagttcccgtttactggctg
tgggccacccttttttctataaaaaataattctggtaaaagtaattgttcctaaagttt
caggtagaccaatataggggtgttttagagttaaattaccagatcctaataaatttgggtttt
cagaaacacatttagttacctcagacaccagcgttttagtatgggggtgtgtgggagttg
aaattggtagaggacaacccttaggtgttggaaataagtggccatccctattttaataagt
atgatgacattgaaaacccgtctgggtatggcacatcaccaggacaagataacagagaaa
acgtagcaatggattataaaacaaacacagctatgtattgttggctgtacacctcccatgg
gcgaatatattggggcaaggagttccttgtagcacctcaggtattacacaaggtgattgtc
ctgtaatagaattaaaaagtgaaagtatatagaggatgggtgatattggtagatacagggtttg
gtgcacttgattttgcatccttacaagccagtaaaagtgacgtgccccttagattttatgta
atactaaaagcaaatatccagattatttaggaatggcagccgagccatacggaaatagtt
tatttttctttttacgtagggaacaaatgtttgttagacatttctttaatagggtcggtta
ctacaggcgatgctgtccctaaggatttgtatatgtgcaggaacaggcaacaggcgcaaca
tagcaggcagtatatatatttctactcctagtggggtcttttagtaacttcagattctcaat
tgtttaacaaaccgctttggatgcaaaaagcacaggggcataataacggcatctgttttg
gtaaccagggtgtttgtaactgttgtggatacaactcgcagcactaaccttaaccttgtgtg
catccactgagctgtgtgtactactacatatgacaacacaaagttcaaagaatatTTAA
ggcatgcagaagaatttgattttacagtttatatttcaattatgcattataacacttaatc
cagaggtaatgacatacatccacactatggatgcattatttagaagactggaactttg
gggtatccccctccagccacggcatcactagaggatacttatcgcttttttggttaataagg
caattgcctgtcaaaaaaattgtcccacaaaagccaaagaggaccatacaaaaactata
cttttttgggatgtggatcttaccgaaaagggttttctgcacaacttactcaatttccattag
gacgcaaatTTGTTATGCAGGCTGGATTACGTCCTAGGCCTAAATTAAAACTGCGGAAGC
GTGCAGCACCATCCTCCAGTTCAGCGCTGCCCTCAAACGAAAGAAAACTAAGCGATAAC
TATTATATTACTGTATGTTGTGTATGTGCATTTGTGTATTGTATGTGGTTTGTATACATG
TGTGTGTGTATTTATGTATTTATACATGTGTGTTATGTGTGCTGTATGGAATGAGGAATA
TGTGTATGTGTGTATGTGTTGCAGCTTAATAAACATTTTtagtGTGGTGTGGTCCATGG
TTGCACCCAGTGAGTAACTATGTGTTTCTTTCCTGTTTTGTGTTATGAATGTCCAGCGTT
GGGGCAGCGTTGGGGTTTAGGTCTGGTGGTAGTCATGGCGTCTGTTTGGTTACAAAAGT
CATTTTTATTACTGTGCAACCGATTTTCGGTCGTGTTTGGCAACGTAGGTATTGTGTCAGC
ATAATTGCAAGGTTACATTGACCTGCCAAAATATGTTGGCACAGTATAATTTCCCTTTGG
CGCCAAAGGTGTGGCTTCCCTACGCCTACATTCCACTTTTACTATAAATTTACCTTTTTAC
CTTTGTGTGTGCTAAGGTTTTATTACTTTTAACCACATACATGTTTTATGGCTTTGCTTA
AAAGCTTTTTTGGCTCACATAACAATAAAGCACCCATAAAACATGT
>gi|333050|gb|M74117.1|PPH35CG_Human_papillomavirus_type_35_complete_genome
CCCTATAAAAAAACAGGGAGTGACCGAAAAACGGTCGTACCGAAAAACGGTTGCCATAAAA
GCAGAAAGTGCACAAAAAGCAGAAGTGACAGACATTGTAAGGTGCGGTATGTTTCAGGA
CCCAGCTGAACGACCTTACAACTGCATGATTTGTGCAACGAGGTAGAAGAAAGCATCCA
TGAAATTTGTTTGAATTGTGTATACTGCAACAAGAATTACAGCGGAGTGAGGTATATGA

CTTTGCATGCTATGATTTGTGTATAGTATATAGAGAAGGCCAGCCATATGGAGTATGCAT
GAAATGTTTAAAATTTTATTCAAAAATAAGTGAATATAGATGGTATAGATATAGTGTGTA
TGGAGAAACGTTAGAAAAACAATGCAACAAACAGTTATGTCATTTATTAATTAGGTGTAT
TACATGTCAAAAACCGCTGTGTCCAGTTGAAAAGCAAAGACATTTAGAAGAAAAAAACG
ATTCCATAACATCGGTGGACGGTGGACAGGTCGGTGTATGTCCTGTTGGAAACCAACACG
TAGAGAAACCGAGGTGTAATCATGCATGGAGAAATAACTACATTGCAAGACTATGTTTTTA
GATTTGGAACCCGAGGCAACTGACCTATACTGTTATGAGCAATTGTGTGACAGCTCAGAG
GAGGAGGAAGATACTATTGACGGTCCAGCTGGACAAGCAAAACCAGACACCTCCAATTAT
AATATTGTAACGTCCTGTTGTAAATGTGAGGCGACACTACGTCTGTGTGTACAGAGCACA
CACATTGACATACGTAAATTGGAAGATTTATTAATGGGCACATTTGGAATAGTGTGCCCC
GGCTGTTACAGAGAGCATAATCTACAATGGCTGATCCTGCAGGTACAGATGAAGGGGAG
GGGACGGGATGTAATGGATGGTTTTTTGTAGAAGCAGTAGTTAGTAGACGTACGGGATCC
AGTGTAGAGGACGAAAATGAAGATGACTGTGACAGGGGGGAGGATATGGTGGACTTTATA
AATGATACAGATATATTAAACATACAGGCAGAAACAGAGACAGCACAAGCATTATTTTCAT
GCACAGGAGGAGCAAACACACAAAGAGGCTGTACAGGTCCTAAAACGAAAGTATGCTAGT
AGTCCACTTAGCAGCGTGAGCTTATGTGTTAATAAACATAAGTCCACGTTTAAAAGCT
ATTTGCATTGAAAATAAAAATACAGCAGCAAAGCGACGATTATTTGAACTACCAGACAGC
GGTTATGGCAATTCTGAAGTGGAAATACACGAGATACAACAGGTAGAGGGGCATGATACA
GTTGAACAATGTAGTATGGGCAGTGGGGATAGTATAACCTCTAGTAGCGATGAAAGACAT
GATGAGACTCCAACGCGAGACATAATAACAATACTAAAATGTAGTAATGCAAACGCAGCT
ATGTTGGCTAAATTTAAAGAACTATTTGGTATTAGTTTTTACAGAACTTATTAGACCATTT
AAGAGTGATAAATCCACATGTACAGATTGGTGTGTGGCCGCATTTGGAATAGCCCCAAGT
GTGGCGAACTTTAAACATATAACATATGTATACATATACAATGTTTATCGTGTTTCATGGG
GCTATGGTAATTCTAGCATTATTACGATTTAAAGTCGAAAAACGAGAAACAACATTGAAA
ACTATTGATGCTAAATTGCTATGTATTTACGCTGCAAGTATGCTAATACAACCACCAAAA
TTACGTAGTACCCCAGCTGCGTTATATTGGTTTTAAACAGCAATGTCAAATATTAGTGAG
GTTGATGGAGAAACACCAGAATGGATTCAAAGACAAACAGTATTACAGCATAGTTTTAAT
GATGCAATATTTGACCTATCTGAAATGGTACAATGGGCATATGACAATGATTTTATAGAT
GATAGTGATATAGCATATAAATATGCACAATTGGCAGAACTAATAGTAATGCATGTGCT
TTTTTAAAAAGTAATTCGCAAGCTAAAATTGTAAAAGATTGTGCAACAATGTGTAGACAT
TATAAACGAGCTGAAAAAAGAGAAATGACAATGTCACAGTGGATTAAGGCGATGTGCA
CAGGTGGACGATGACGGTGACTGGAGGGACATAGTACGATTTTTTAAGATATCAACAAGTA
GATTTTGTGGCATTTTTTATCTGCACTAAAAAATTTTTTACATGGTGTGCCTAAAAAAAT
TGCATACTAATATATGGAGCACCAAACACAGGTAAATCATTATTTGGAATGAGTCTAATG
CATTTCTTACAAGGAGCTATTATATCCTATGTAAATTCATAAAGCCATTTTTGGTTGCAG
CCATTATATGATGCCAAAATAGCTATGTTAGATGATGCTACATCGCCATGTGGCATATAT
AGACCAATATTTAAGAAATGCACTAGATGGAAATCCTATATTTTCATTTAGATGTAAAGCA
TTAAGCATAGTGCATATAATGCCCACCTTTACTTTATTACATCAATATAAATGCAGGCAAA
GATGACAGGTGGCCATACTTACATAGCAGGGTAGTGGTCTTTACATTTTCACAATGAATTC
CCATTTGATAAAAATGGAAACCCAGAGTATGGGCTTAATGATAAAAACTGGAAATCCTTT
TTCTCAAGGACGTGGTGCAGATTAAATTTGCACGAGGAAGAGGTCAAAGAAAATGATGGA
GACGCTTTCCCAGCGTTTAAGTGTGTGTGACAGGACAAAATACTAGAACATTACGAGACTGA
TAGCACATGTTTGTCTGATCACATACAGTATTGGAACTGATTCGTCTTGAATGTGCAGT
ATTTTATAAAGCAAGAGAAATGGGAATTAACCTCTTAACCACCAAGTGGTTCACACGCA
GGCCATTTCAAAGCCAAAGCAATGCAAGCAATTGAACTGCAATTAATGTTAGAGACATT
AAATACAACTGAGTATAGCACAGAGGACTGGACACTGCAAGAAACAAGTATTGAACTATA
TACAACAGTTCCTACAAGATGTTTAAAAAAGATGTTTATACTGTGGAAGCACAAATTTGA
TGGTGATAAAACAAAATACATTATGCAATTACTAATTGGACACATATATATATATTAGAGGA
CAGGTATAGTACTGTTGTAAAGGGACTGGTAAATTATAAAGGTATTTATTATGTGCATCA
GGGTGTAGAAACATATTATGTTACTTTTTAGGGAAGAGGCTAAAAAGTATGGAAAAA
TATATGGGAAGTGATGTGGGTGGTCAGGTAATTGTTTGTCTGAATCTGTATTTAGCAG
CACAGAACTATCCACTGCTGAAATTGCTACACAGCTACACGCCTACAACACCACCGAGAC
CCATACCAAAGCCTGCTCCGTGGGCACACAGAAACCCAGAAGACAAATCACAAACGACT
TCGAGGGGGTACCGAGCTCCCTACAACCCACCAAGCGAGTGCGACTCAGTGCCGTGGA
CAGTGTTGACAGAGGGGTCTACTCTACATCTGACTGCACAAACAAAGACCGGTGTGGTAG

TTGTAGTACAACCTACACCTATAGTACATTTAAAAGGTGATGCAAATACATTAAAGTGTTT
AAGATATAGATTGGGTAAATATAAAGCATTGTATCAAGATGCTTCATCTACATGGAGATG
GACATGTACAAACGATAAAAAACAAATAGCAATTGTAACATTAACCTACACAACAGAATA
TCAAAGGGATAAATTTTTTAACTACAGTAAAAATACCTAACACAGTTACAGTGTCTAAAGG
ATATATGTCTATATGATAGACCTTACAGCTTCCAGTACTGTGTTGCTGTGCTTTTTTGTG
TGCTTTTTGTGTGCTTTTTGTGCTTGTGTCTGCTTGTACGTTTCGCTATTGCTATCTGTGTCA
TTATACTCAGCATTAATATTACTGGTTTTAATACTGTGGGTACTGTAGCAACACCACTA
CTTGCTTTTTGTGTTTCTTGCTTTTTGTATATACCTATGGATGATTAACGCTCATGCACAA
TATTTGGCAGTACAGTAATTGTATACAAACATTGTGTTTTGGTACTGTGTAACATGTGTGT
ATGGTGGTTTTATTTTTTGTGTTTCATTGTATATTTTTGTTTTTTTACTGTTTTTAAACAT
TTTTATTTCTGTGTTTTTAATAAATTGATCACATGGTATAACCATGCGACACAAAAGGTC
TACAAAACGTGTTAAACGTGCATCTGCAACACAACCTATATCGTACTTGCAAAGCTGCAGG
AACTTGTCCACCAGATGTTATACCTAAGGTTGAGGGTAATACTGTTGCTGATCAAATTTT
AAAATATGGCAGCATGGCTGTGTTTTTGGGGGGTTAGGAATTGGTCTGGATCTGGCAC
AGGTGGAAGATCTGGATATGTTCCACTGGGTACAACACCTCCAACGGCTGCCACAAACAT
TCCTATACGACCCCTGTAACCTGTGGAAGTATACCATTAGACACAATTGGCCCTTTAGA
TTCTTCTATAGTGTCTATTAGTAGAGGAACTAGTTTTATTGAGTCTGGTGCCCTGTGTG
TACACCAAGGGTCCCACCTACAACAGGTTTTACAATAACCACATCTACAGATACCACACC
TGCTATTTTAGATGTGACATCCATAAGTACACATGATAATCCTACTTTCATGATCCTTC
TGTTTTTACACCCACCCAGCCTGCAGAAACTTCAGGTCATTTTGTACTTTCATCATCTTC
TATTAGTACACATAATTATGAAGAAATCCCTATGGATACTTTTTATTGTTTCCACAGACAG
CAATAATATAACTAATAGCACGCCTATTCCAGGGTCTCGCCCTACGACACGCCTAGGATT
ATATAGTAAAGGTACCCAGCAGGTTAAGGTTGTTGACCCTGCCTTTATGACTTCTCCTGC
AAAACCTATTACATATGATAATCCTGCATATGAAGGCCTTAACCCTGATACAACCTTACA
ATTTGAGCATGAGGATATTAGCTTAGCTCCGGATCCTGACTTTATGGACATTATAGCTTT
ACATAGGCCTGCACTAACATCTAGGAAAAGGCACTATTAGATATAGTAGAGTAGGTAATAA
ACGTACTATGCATACACGAAGTGGAAGAGCTATAGGGGCACGGGTACATTATTATCAGGA
TTTAAGTAGTATTACTGAAGATATAGAATTACAACCCTTACAACATGTACCATCCTCTTT
ACCACATACCCTGTTTCAACATCATTAATGATGGTATGTTTGATATTTATGCTCCTAT
AGATACTGAGGAAGATATTATATTTTCAGCATCTTCTAACAATACTTTATATACTACATC
TAACACTGCATATGTTCCCTAGCAATACTACTATACCATTAAAGTAGTGGCTATGATATTCC
TATAACAGCAGGGCCAGACATTGTATTTAACTCTAATACTATTACTAACTCTGTACTACC
GGTACCCACAGGTCCTATATATTCTATTATTGCAGATGGGGGTGACTTTTATTTACACCC
TAGTTATTATTTATTAACGACGTCGTAAAGCTATCCCATATTTTTTTGCAGATGTCTC
TGTGGCGGTCTAACGAAGCCACTGTCTACCTGCCTCCAGTGTGAGTGTCTAAGGTTGTTA
GCACTGATGAATATGTAACACGCACAAACATCTACTATCATGCAGGCAGTCTAGGCTAT
TAGCTGTGGGTCACCCATACTATGCTATTAATAAACAAGATTCTAATAAAATAGCAGTAC
CCAAGGTATCTGGTTTGCAATACAGAGTATTTAGAGTAAATTACCAGATCCCTAATAAGT
TTGGATTTCCAGACACATCATTTTTATGATCCCTGCCTCCAGCGTTTGGTTTGGGCCTGTA
CAGGAGTTGAAGTAGGTCGTGGTCAGCCATTAGGAGTAGGTATTAGTGGTCATCCTTTAT
TAAATAAATTGGATGATACTGAAAATCTTAATAAATATGTTGGTAACTCTGGTAACTCTG
GTACAGATAACAGGGAATGCATTTCTATGGATTATAAACAACACAATTGTGTTTAATAG
GTTGTAGGCCTCCTATAGGTGAACATTGGGGAAAAGGCACACCTTGTAATGCTAACCAGG
TAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCTTTGGAGTTACTAAACACTGTACTACAAGACGGGGACA
TGGTAGACACAGGATTTGGTGCAATGGATTTTACTACATTACAAGCTAATAAAAGTGATG
TTCCCCTAGATATATGCAGTTCCATTTGCAAAATCCTGATTATCTAAAAATGGTTTCTG
AGCCATATGGAGATATGTTATTTTTTTATTACGTAGGGAGCAAATGTTTGTAGACATT
TATTTAATAGGGCTGGAACCTGTAGGTGAAACAGTACCTGCAGACCTATATATTAAGGGTA
CCACTGGCACAAATTGCCCTAGTACTAGTTATTTTCCCTACTCCTAGTGGCTCTATGGTAACCT
CCGATGACAAAATATTTAATAAACCATATTGGTTGCAACGTGCACAAGGCCATAATAATG
GTATTTGTTGGAGTAACCAATTGTTTGTACTGTAGTTGATACAACCCGTAGTACAAATA
TGTCTGTGTGTTCTGCTGTGTCTTCTAGTGACAGTACATATAAAAAATGACAATTTTAAGG
AATATTTAAGGCATGGTGAAGAATATGATTTACAGTTTATTTTTTTCAGTTATGTAAATAA
CACTAACAGCAGATGTTATGACATATATTCATAGTATGAACCCGTCCATTTTAGAGGATT
GGAATTTTGGCCTTACACCACCGCCTTCTGGTACCTTAGAGGACACATATCGCTATGTAA

CATCACAGGCTGTAACCTTGTCAAAAACCCAGTGCACCAAAACCTAAAGATGATCCATTAA
AAAATTATACTTTTTGGGAGGTTGATTTAAAGGAAAAGTTTTCTGCAGACTTAGATCAGT
TTCCGTTGGGCCGTAAATTTTTGTTACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCAATTTTTAGAT
TAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTAAAAAATCTTCTACTAAACGTAGAAAAG
TAAAAAGTTAATGTGTAAATGTGTATGCATGTATACTGTGTGTTATGTGTTGTAGTGCTT
GTATATATATTATGTGTTGTGGTGCCTGTTTGTGTTGTACATGGCGTGTAAATGTGTGTA
TAATATTGTGCAATGTGTTGTACGTGGGTGTTTTGTACTTAGTGTGTAGTAGTTCAGTA
GCCATAAAGTGATGTGTGTGTTTATAATTAACACTGTATTGTTGTATGACTATGGTGCAC
CGATATGAGCTTACATAATTACATGACAGCTATATTGTGTATATAAAATAATCTACCTCCA
TTTTGTGTGTTAGTGTCCTTTACATTACCTTTCAACCGATTTTCGGTTGCTGTTGGTAAGC
TTTATATGTTTTTTTACAAAAACATTCTACCTCAGCAGAACACTTAATCCTTGTGTTCCCT
GATATATATTGTTTGCCAACCTTTATATTGGCTTTTGCCAATCTTTAAACTTGATTTCATCT
TGCAGTATTAGTCATTTTTTCATACTTGTGGTCCACCCACACTTGTAACACTTGTAACAGT
GCTTTTAGGCACATATTTTTTGCATTTCTAAAGGGCTTTAATTGCACACCTTGGCTTTAC
ATATTATGTGTGTTTGCCAACACCACCTACACATCCTGCCAACTTTAAGTTAAAACATG
CATGTAAAACATTACTCACTGTATTACACATTGTTATATGCACACAGGTGTGTCCAACCG
ATTTGGATTACAGTTTTATAAGCATTTCTTTTTATTATAGTTAGTAACAAT

>gi|15741127|gb|AF349909.1|AF349909_HumanPapillomavirus_type_86_candidate,_comp
lete_genome

ATGCCCAGAGGATGCCACACTCCTACAAATATTTTTGTGCTATGTCAGGAATATGAGGTG
GATTTTGCAGACCTAAGACTGCTTTGCATCTTTTGCAAGAATGAATTAACAGAAGGCGAA
TTGCTGTGCTTTGCACTAAAGGAATTATTACTGGTCTGGAAACACGGATTTCTTCATGGC
GTGTGCCCTAAAAATGCATATGCAGAGAAGCCAAGGTACGTGAGCTACGACACTGGGAGCAC
TCCAGCTACGGATCCACAGTGGAAACAAGACACAGGCGTATCATTGGCACACTTAAATATA
AGGTGCCATGCGTGCTTTAAACCATTGTGCTGGCCAGAGAAGCTGCATATGGTGGAATTA
AATCTGCATTTTTCATAAAATAGCAGGCCAGTGGACGGGAAAGTGCAGCAACTGTAGAGCA
ACATGCATGGCCAGACGCCGACCATAAAAAGATATAGTGTTATGTGAAATACCAGATGTAG
TTAACCTACATTGTGACGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAGGAGGATAATAGGGATT
GTGACCAACCTGCAGAACCAGCACAGCTGGCCTATAGGGTGTAAACAGAATGTGGGTGTG
GTAGACGTCCACTTAAGCTGGTGGTGCCTGTGGAGCTGAAGACCTAAGGCAGCTACAGC
AGCTTATGGTGGACGCAGTGGCCCTTGTGTGTCCAGGCTGTGCATAACATGGCAGAGTCT
CCTGAAGGTACAGACGGCGGGACGGGGGGGGGGGGCGGGAGGGTGGTTTGTGGTAGAAGCC
ATGGTACACCATAACAGCAAATACAGATGTGTCTAGTGATGAGGACGAATCTGCACCTGAT
ACAGGAGAGGATATGGTAGATTTTGTAGATAACACTAGATATCCAGGGGACGGACAGGAA
GTGCCGTTAGGTCTATATGTTCAACAAACAATGCAGGATGACGCTGCAACGGTGCAAGCC
CTAAAACGAAAGTTTCATGGGAAGCCCGGCAGCTAGTTCCTGTGCATCCTGGGTGAATAAC
GAATTAAGCCACGTTTGGATGCAATATGTTTACAGCAAAGGCACGACAAGGCCAGGAGA
CGGTTGTTTTGAACAAGACAGTGGGTATGGCAATACGCAGGTGGATATTGGAACGTCCGAA
AGCCAGGTACCAGGGGAACATAACAACAGCGGGGGGGGCGACGTAACACAGGACGTTATA
GAGGAGGAACGGGGGGGGGGGGACGGGGAACCTGGGCCACATGTAGATACAGAACACACA
CAGCAGAAGGAGGGCACGCCCCGATGCACTAGACCTGCTACAGGTAGTAACCTACGGGT
CAGCTATTTACTAAGTTTAAAGGAGCTATTTGGACTATCATTTAAGGACCTAGTAAGACAG
TTCAAAAGTGATAGGTCCACATGTGCAGAGTGGGTAGTAGGGGCATTTGGGGTGTATTAT
GCAGTGGCAGAAGCAGCAAAAACATTATTGCAGCCAGTATGTGAGTATGCACACATACAA
ACATTAACAAGTGAATGGGGAATGGTAATGCTGCTACTGCTACGGTTTAAAGTGTAACAAA
AGCAGAGAAAACCGTAGCAAAGTGCCTAGGAACCATACTAAATATTCCAGAAAAGCGTATG
CTAATAGAACCCCCAAAACAACGCAGTGCGCCATGTGCACTGTATTGGTACAAGACAGCT
ATGGGCAATGCCAGTGAGGTGTTTGGGGACACGCCGACTGGATAGTAAGACAAACAGTT
ATTGGACATGCAATGGGAGAAACACAATTTAGCCTATCTGTGTTAGTGCAGTGGGCATAT
GACAATGAAATAACAGATGACACGAGCTAGCCCTATGAATATGCAAAATTGGGAAATGAG
GACCCAAATGCAGCCGCTTCTTAGCAAGCAATTGTCAGGCAAGATATATTAAAGGATGCA
ATAACAATGGTTAGACATTATAGACGTGCAGAACAGGCACGTATGAGTATGTCACAATGG
ATTGCACATAGGGGGCGCAAGGTGGCTGACACAGGCGACTGGAGACATATAGTAAACTA
CTAAGGTTTTCAGGGCATAGAATTTATTAGCTTTTATGGAAGCATTAAGCAATTCTTAAAG
GGAACACCAAAGAAAAGCTGCCTAGTATTTTATGGACCCAGCGACACAGGGAAATCATTG

TTTTGCATGAGCCTATTAAGGTATTTAGGTGGAGCAGTAATATCCTTTGTAAATTCCACC
AGCCATTTTTGGTTGTCGCCATTGGTAGATGCTAAAATAGGACTGTTGGACGATGCAACA
CAGCAGTGCTGGGTATACATAGATACCTATCTAAGAAGTGTACTAGATGGCAATACAATG
AGCATAGACAGAAAACATAAAAACCTACAACAGCTGAAATGTCCACCATTAATGATAACA
ACAAATGTAAATATTGCAGCAGATGACACCTTTAAATATCTTAGAAGTCGAATGGTCGTC
TTTCCGTTTCTACAAAAGTGCCCACTAGATAGCAATGGAGAACCAGTGTATAAACTAAAT
AATGAAAATTGGAAATCCTTTTTTTCAAAGGTCGTGGGCACGATTAGACTTAACCCAGGAG
GAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGCTGACAATGGATACACTAGCCGATCGTTTAGATGCGTG
CCAGGACAAGTTACTAGACCTTTATGAAAAGGATAGCAACACTCTTGAGGATCAATTATT
GCATTGGCAATACACACGCCTGGAAAAAGCTATATTATTTAAGGCAAGAGAAGCAGGACT
AACACATATAGGCCACCAGGTGGTGCTGCAAGTAGTGTAACAAAGGAAAAGGCCGGCA
AGCTATAACAGTGCAATTTGTCTTTGCAAAAGCTTAAATAACAGTGAGTTTAAACACGAGCC
ATGGACATTGCAGGACACGTCATTGGACATGTGGAATGTCCCCCGAAAGGGTGTGGAA
AAAAGGCGGACGCCCCATCAGAGTAAATACGATGGAGAAGATGACAAAGAAATGGAATA
TGTCAGCTGGGGGTTTATATATATATATTGTGGTAGTGATGAAACATGGCATAAGGTGCC
TGGTAAGATTAGCCATGCAGGGTGTACTATGAACTGGAAGGCCGAAACACTACTATGT
TGACTTTGGAAAGGAGGCAAAACAATATGGGGTAAAAAACATGTGGGAGGTGCATGTGGG
AGGCACAATTATTCACCATGCATGCGACTCTGTATCCAGTACTCAGGGAGGAGTGCCGAT
ATCCATGTCTGAAACTGCTGCACAGTCGCTGTACACCACCACCGCGCCACCCCGCCGC
CACCAAGAAAACCCCCAGGTGCAGGCGCCGCTGCTAAGCGACAGCGGCTCGGAAGCGA
CGGCATACAGCAGCCCCGACTCTACAGGAGACAAGCGAGCATTTCGTGGACAGTTGCCTCCC
AAGGACACAAAATAACCCTGACATCCACAGTGGTCGCGGGACAACAGTAACAGTCACGG
TGCACCTGTCATTCACTTAAAGGTGACCCCAACCGTCTTAAATGTTTGAGATACCGATT
GCAGCAATCTGTTCCCCAATTGTTTGAAAGAGCATCGTCCACGTGGCGGTGGACCTGTGG
GGGGTCAGAGGACAAACAATCATTTGTAAACATTGTGGTATAGGGATACGGAACAACGCCA
ACAGTTTCTAGCACGTGTAAATATACCTAAAGGAATTGTGGTAACACAAGGCATTATGTC
AATGTGCATATAATAGTAGTTGTTTGTAACATTATATCCTGTATGTGAGCCAATTGTAG
CAATTGTGTGTATTACATACCTGGTATATACTGCATCCTGGAACCTATTGTATGGGCCAT
CCATGTATGGTGTACTGTGCTGCTGCTGCTAATTCTCTTTTGGCTTTCACACCTATCTGC
TCTGGTTGCTTTTGTGTTGTGTTTGTGTTTATATATTTTGGGTTCTGGCTACTGTATAT
ACAGGTACTGTGGTACATTGGATTGTTATAATCACACAACCAGCCATCTACTGCTGCTAC
ACTACCTTGACAGCCCCCTCCCCATACAGTATGTATCCCCTACAGGTACGGGGTCCCCA
GGGTGGATATGATATTGTGTTGTTTGACCGTGGGGATATGAGCATATTGGTTTTGTATT
ACTATTGATTGCTATTATTTTGTGTTGTTATTTCATACGCATGTTACATGTGTAGGTGTG
TATAGTTTTGTATTTTGGTTTTGTAATAAACTGTTGGTACCATGCCTAAGGTCAAATCCCG
TCGCAAGCGTGCCCTCTGCCACGGACCTTTATCGCACCTGCAAGGCCTCTGGCACATGCCC
TGCTGATGTGGTTCCTAAAGTGGAGGGCGACACATTGGCGGATCGCATATTAAATGGGC
CAGTTTGGGTGTCTTTTTTGGGGGTCTTGGTATTGGTACCTCCTCGGGGTCCGGCGGCCG
TACTGGCTATGTTCCATTGGGTACCCGGCCCCCTACAGTAGTGGATGTGGGGCCCACTGC
CCGTCTCTCTGTGGTCATTGAACCTGTGGGTGCTACTGACCCGTCCATTGTTACATTGGT
GGAGGATTCTAGTGTTATTAATGCAGGGGCCCCGTTACCCAACTTTACTGGAACGGGCGG
GTTTGAAATTACCACATCGTCCACCCTACCCCTGCAGTATTAGACATTACCCCGTCAGG
GTCCTCTGTGCAAGTTAGTAGCACTAGTTATATTAATCCATTGTTTACTGAGCCATCTAT
TATAGAGGTTCACAGGCGGGTGACATTACTGGACATGTATTGTCTAGTACTGCCACCTC
AGGGACCCACACATATGAAGAAATACCTATGCAAACATTTGCTGTACAGGGGGGAACAGG
GCATGAACCCATAAGTAGTACACCTATACCTGGGGTGC GGCGCCTTGCAAGGCCTCGCTT
AAATTTGTACAGCCGTGCTACCCAGCAGGTTCCTGTAGCTGACTCTGCATTTTTATCGCG
TCCTGACTCCTTTGTTACCTTTTGATAACCCGTGTATGACCCAGATGAAACCATTATATT
TGAGCATCCTAGTTTACATGCTCCGCCCCGATCCTGACTTTCTAGATATTGTTACCTTGCA
TAGGCCTGCCTTAACTGCACGTAGGTGAGGTGTTAGATATAGTCGCATAGGTCAAAGGGC
CTCCATGCGCACACGAGTGGTAACATATTGGGGCTCGTGTGCATTTTTATCATGACTT
AAGTCCTATTGCACAGGCTGAGGATATTGAACTGCAGCCGTTGGGTGCTACCACATCCTC
TGGCCAGGCCTCTGGCCAGGATACCTTATATGACATTTATGCAGATGATACACACCTATC
CTCTATATTACAGGAGCCTTCCGTTCCCTCATTTGCATTCCACCACGCCTGTATCCTCTGC
TACAGTGTCCGCCACATCTATGGTATCTTCCACATATGATAATGTTACTGTTCCCTTATC

ATCTGCAACCGAGGTTCCCTTATATACTGGTCCTGATATTGATCATGCCATAGCCCCATC
GCCCACACCTTTACCTCCTGTGGTTCCCAGCACTACCCCATATGCCATTTATATACAGGG
ATCTGATTACTATTTACTGCCTAATTATATATTTTTTCCACGAAAGCGTAAACGTGTGCA
CTATTCTTTTTCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTTTACCTGCCCCCA
CTCCCGTGTCTAAGGTTCTCAGCACGGATCGTTATGTATCTCGTACCAACCTATTTTATT
ATGGTGGTAGTTCCCGCTTGCTTACTGTGGGCCATCCATATTATCCTGTTACTGTTTCCT
CCAGCCCTGGACAAAACAACAAAAAGGCCAATATTCCCAAGGTTTCGGGGTATCAATACA
GGGTTTTTtagggtgCGACTGCCTGATCCTAATAAGTTTGGCCTTCCTGACGCCCAATTAT
ATAATCCAGACACTGAGCGCCTGGTATGGGCCTGTAGGGGCCTTGAGGTAGGACGTGGCC
AGCCCTTGGGTGTAGGTGCCAGTGGCCATCCGTTATATAATAGGCTTGATGACACTGAAA
ACACCTCCTTTCTTACTACTGAAAACGTAGACAGTAGGGACAATGTGTCTGTGGACTACA
AGCAAACCCAGGTATTAATTGTAGGCTGTAAACCATCCATTGGTGAGCACTGGGGTAAAG
GCACAGTGTGTTCTAATGTGCAGCCTAAACCAGGGGACTGCCCCCATTACAGTTTACCA
ATTCCACAATTCAGGATGGTGACATGGTGGAGGCAGGCTATGGTGCTATGGATTTTGACA
AGCTGCAGGAAAACAAGTCTGAGGTGCCTTTAGACATTTGTGCCACTGTCTGTAAATATC
CTGATTATTTACAAATGGCTGCTGAGCCCTATGGCGATTGCATGTTTTTTGTTTAAGGC
GAGAACAAATGTTTGCACGCCATTTTTTTAATAGGCAGGGTGTTATGGGTGAACCAGTTC
CTGAAACTTATTATTTAAAGGGCTCCTCAGGCCCCCGAGGATCCCTTAGCAGTTATGTAT
ATTGACCCACCCCTAGTGGCTCTATGGTGTCTCGGATTCCCAATTGTTCAATAAGCCAT
ATTGGTTACAGAAGGCGAGGACACAATAAGTATTTGCTGGTTTAACCAGCTGTTTG
TTACTGTGGTCGACACCACCCGAGTACTAATTTTACTATTAGTGCCGCTACCCAGAAGG
CCTCTGAATATGACCCCTCTAAGTTTAAATGAATATCTAAGGCATGCAGAGGAATATGATT
TGCAATTTTATTTTTCAATTGTGTAAGGTCCGTCTTACCCAGAGATAATGTCTTATTTAC
ATTCTATGAATGAGTCCCTTTTTGGATGAGTGGAATTTTGGGGTTGTGCCCCCTCCCTCCA
CAAGTTTGGAGGATACCTACCGTTTCTGCAGTCCCGTGCCATTACGTGCCAAAAAGGGG
CTACTGCACCACAGCCTAAAGAGGATCCCTATGCTGGCATGGTGTGTTTGGGAGGTTGACC
TTAAGGACAAGTTGTCCACTGATTTGGACCAATTTCCACTGGGCCGCAAGTTTCTATTGC
AGTCGGCCCCACGGGTCTCGCATGTGTCCCGCAAGCGTCCCGCATCTACCTCTACTGCCT
CCTCCTCCAAACGTCGCAAACTAAAAAATAGTGTGTGTGTGCTGTACTGTCTTGTTTGT
ATGTGTGTCTGTATTGTGTACTGTTGTTGGTTGCACTGTGTTGTGTATATGTATGTGTAT
ATGTATGTGTTTTTTGTATGTGTTGTGTAATGTCCTTTATGTGCCCCGTGATTGTTGTGC
TTTTGTCTTGTTGTGTATTTTGGTGTGTATGTATTTATGGAATGTGTGTTATGTTGTGGA
TCAGTAAAGTATGTGTGTCTATTGTGGGGTTCATGTCCGGCAGCACCCCTGTGAGTAAGTGT
GCATTTGTACACACCTTGCACTCGGCTACATATCCACCATTTCTGCACTTATTTTGTAC
CCGTACTCCATTTTGTATGCGACCGAAATCGGTCTCCCGCCTTTTCGGTCTGTGTTATGG
CACCTTCCCAGGTACACCTAATCCTTTGGCAGCCCTACATCCTGCGTAGGCAGCTGCAAA
CCTTCCACACCTAGGTGTGTCTGACAGCTCTATACATAAAGTAATAAAAATATGGTTTGTA
GTTTATAGGTTTTACTTACTCATCTGCAAGAAATATGCTTTTAGGCAATGCTTTGGCTAC
CAACTTTCCCTTAAGTGCATAGTTGGCAGTCTGTACTACATTGTACTGCCAAGTTTCTGT
CCTATAAACCTTTAAACAACCTTATGTAACCAACACAACCTCGGTGCTGTATTATTCATAG
TTCCTTCTTTTACTTAAACAACATCATGTAGTTAAAAAATAAGGAGGGACCGAAAACGG
TGCGACCGAAAAGGGATACATATATAAGGGCAGCTAAGGGCAGTGGAAGGCAACGGGACA
GCC

>gi|6002612|gb|AF092932.1|AF092932_HumanPapillomavirus_type_6,_complete_genome

GTTAATAACAATCTTGTTTTAAAAAATAGGAGGGACCGAAAACGGTTCAACCGAAAACG
GTTGTATATAAACAGCCCTAAAATTTAGCAAACGAGGCATTATGGAAAGTGCAAATGCC
TCCACGTCTGCAACGACCATAGACCAGTTGTGCAAGACGTTTAAATCTATCTATGCATACG
TTGCAAATTAATTGTGTGTTTTTGCAAGAATGCACCTGACACTGCAGAGATTTATTCATAT
GCATAGAAACAGCTAAAGGTCCTGTTTCGAGGCGGCTATCCATATGCAGCCTGCGCGTGC
TGCCTATAAATTCATGGAAAAATTAACCAATATAGACACTTTGATTATGCTGGATATGCA
ACAACGTGTTGAAGAAGAACTAAACAAGACATTTTAGACGTGCTAATTTCGTGCTACCTG
TGTCACAAACCGCTGTGTGAAGTAGAAAAAGGTAAAACATATACTAACCAAGGCACGGTTC
ATAAAGCTAAATTTGTACGTGGAAGGGTCGCTGCCTACACTGCTGGACAACATGCATGGAA
GACATGTTACCCTAAAGGATATTGTATTAGACCTGCAACCTCCAGACCCGTAGGGTTAC
ATTGCTATGAGCAATTAGTAGACAGCTCAGAAGATGAGGTGGACGAAGTGGACGGACAAG

ATTACAAACCTTTAAAACAACATTACCAAATAGTGACCTGTTGCTGTGGATGTGACAGCA
ACGTTTCGACTGGTTGTGCAGTGTACAGAAACAGACATCAGAGAAGTGCAACAGCTTCTGT
TGGGAACACTAAACATAGTGTGTCCCATCTGCGCACCGAAGACATAACAACGATGGCGGA
CGATTCAGGTACAGAAAATGAGGGGTCTGGGTGTACAGGATGGTTTATGGTAGAAGCTAT
AGTGCAACACCCAACAGGTACACAAATATCAGACGATGAGGATGAGGAGGTGGAGGACAG
TGGGTATGACATGGTGGACTTTATTGATGACAGCAATATTACACACAATTCCTTGGAAGC
ACAGGCATTGTTTAAACAGGCAGGAGGCGGACACCCATTATGCGACTGTGCAGGACCTAAA
ACGAAAGTATTTAGGTAGTCCATATGTTAGTCCTATAAACACTATAGCCGAGGCAGTGGA
AAGTGAAATAAGTCCACGATTGGACGCCATTAACTTACAAGACAGCCAAAAAAGGTAAA
GCGACGGCTGTTTCAAACCAGGGAACTAACGGACAGTGGATATGGCTATTCTGAAGTGGA
AGCTGGAACGGGAACGCAGGTAGAGAAAACATGGCGTACCGGAAAAATGGGGGAGATGGTCA
GGAAAAGGACACAGGAAGGGACATAGAGGGGGAGGAACATACAGAGGCGGAAGCGCCAC
AAACAGTGTACGGGAGCATGCAGGCACAGCAGGAATATTGGAATTGCTAAAATGTAAAGA
TTTACGGGCAGCATTACTTGGTAAGTTTAAAGAATGCTTTGGGCTGTCTTTTATAGATTT
AATTAGGCCATTTAAAAGTGATAAAACAACATGTGCAGATTGGGTGGTAGCAGGATTTGG
TATACATCATAGCATATCAGAGGCATTTCAAAAATTAATTGAGCCATTAAGTTTATATGC
ACATATACAATGGCTAACAAATGCATGGGGAATGGTATTGTTAGTATTATTAAGATTTAA
AGTAAATAAAAGTAGAAGTACCGTTGCACGTACACTTGCAACGCTATTAAATATACCTGA
AAATCAAATGTTAATGAGGCCACCAAAAATACAAAGTGGTGTTCAGCCCTGTATTGGTT
TCGTACAGGTATATCAAATGCCAGTACAGTTATAGGGGAAGCACCAGAATGGATAACACG
CCAACTGTATTGAACATGGGTTGGCAGACAGTCAGTTTAAATTAACAGAAATGGTGCA
GTGGGCATATGATAATGACATATGCGAGGAGAGTGAAATTGCATTTGAATATGCACAAAG
GGGAGATTTTGATTCTAATGCACGAGCATTTTTTAAATAGCAATATGCAGGCAAAATATGT
GAAAGATTGTGCAACTATGTGTAGACATTATAAACATGCAGAAATGAGGAAGATGTCTAT
AAAACAATGGATAAAACATAGGGGTTCTAAAATAGAAGGCACAGGAAATTGGAACCAAT
TGTACAATTTCTACGACATCAAAATATAGAATTTATTCCATTTTTTAAGTAAATTTAAATT
ATGGCTGCACGGTACGCCAAAAAAAACATGCATAGCCATAGTAGGCCCTCCAGATACTGG
GAAATCGTACTTTTGTATGAGTTTAATAAGCTTTTTTAGGAGGTACAGTTATTAGTCATGT
AAATTCCAGCAGCCATTTTTGGCTGCAACCGTTAGTAGATGCTAAGGTAGCATTGCTAGA
TGATGCAACACAGCCATGTTGGATATATATGGATACATATATGAGAAATTTGTTAGATGG
TAATCCTATGAGTATTGACAGAAAGCATAAAGCATTGACATTAATTAATGTCCACCTCT
GCTAGTAACATCCAACATAGATATTACCAAAGAAGAGAAATATAAGTATTTACATACTAG
AGTAACAACATTTACATTTCCAAATCCATTCCCTTTTTGACAGAAATGGGAATGCAGTGTA
TGAAGTGTCAAATGCAAATGGAATGTTTTTTTTGAAAGACTGTCGTCAAGCCTAGACAT
TCAGGATTACAGAGGACGAGGAAGATGGAAGCAATAGCCAAGCGTTTAGATGCGTGCCAGG
AACAGTTGTTAGAACTTTATGAAGAAAACAGTACTGACCTAAACAAACATGTACTGCATT
GGAAATGCATAAGACATGAAAGTGATTATTATATATAAAGCAAAACAAATGGGCCTAAGCC
ACATAGGAATGCAAGTAGTGCCACCATTAAAGGTGTCCGAAGCAAAAAGGACATAATGCCA
TTGAAATGCAAATGCATTTAGAATCATTATTAAAGACTGAGTATAGTATGGAACCGTGGA
CATTACAAGAAACAAGTTATGAAATGTGGCAAACACCACCTAAACGCTGTTTTAAAAAAC
GGGGCAAAACCTGTAGAAGTTAAATTTGATGGCTGTGCAAACAATACAATGGATTATGTGG
TATGGACAGATGTGTATGTGCAGGACACTGACTCCTGGGTAAAGGTGCATAGTATGGTAG
ATGCTAAGGGTATATATTACACATGTGGACAATTTAAAACATATTATGTAAACTTTGTAA
AAGAGGCAGAAAAGTATGGGAGCACCAAAACAATGGGAAGTATGTTATGGCAGCACAGTTA
TATGTTCTCCTGCATCTGTATCTAGCACTACACAAGAAGTATCCATTCTGAATCTACTA
CATACACCCCCGCACAGACCTCCACCCCTGTGTCTCAAGCACCCAGGAAGACGCAGTGC
AAACGCCGCCCTAGAAAACGAGCACGAGGAGTCCAACAGTCACCTTGCAACGCCCTTGTGTG
TGGCCACATTGGACCCGTGACAGTGGAAACCACAACGTCATCACTAACAATCACGACC
AGCACAAGAAGGAACAACAGTAACAGTTCAGCTACGCCTATAGTGCATTTCAAGGTG
AATCTAATTTGTTAAAGTGTTTTAGATATAGGCTAAATGACAAACACAGACATTTATTTG
ATTTAATATCATCAACGTGGCACTGGGCCTCCTCAAAGGCACCACATAAACATGCCATTG
TAACTGTAACATATCATAGTGAGGAACAAAGGCAACAGTTTTTTAAATGTTGTAAAAATAC
CCCCTACTATTAGACACAACTGGGGTTTATGTCAATGCACCTATTGTAATTTGTATATA
TGTAATGTGTAAATATATGGTATTGGTGTAAATACAACGTGACATGTATGGAAGTGGTAC
CTGTACAAATAGCTGCAGGAACAACCAGCACATTAATACTGCCTGTTATAATTGCATTTG

TTGTATGTTTTGTTAGCATCATACTTATTGTATGGATATCTGACTTTATTGTGTACACAT
CTGTGCTAGTACTAACACTGCTTTTATACTTACTATTGTGGCTGCTATTAACAACCCCT
TGCAATTTTTCCTACTAACTTTACTTGTGTGTTACTGTCCCGCTTGTTATATACACCACT
ACATTGTGAACACACAGCAATGATGCTAACATGTCAATTTAATGATGGAGATACCTGGCT
GGGTTTGTGGTTGTTATGTGCCTTTATTGTAGGGGTGTTGGGGTTATTATTAATGCACTA
TAGAGCTGTACAAGGCGATAAACACACCAAATGTAACAAGTGTAAACAAACACAACCTGTAA
TGATGATTATGTAACATATGCATTATGATACTGCTGGTGATTATATATATATGAATTAGAG
TAAAACTTTTTTTATATTTGTAACAGTGTATGCTTTGTATACCATGGCACATAGTAGGGC
CCGACGACGCAAGCGTGCGTCAGCTACACAGCTATATCAAACATGTAAACTCACTGGAAC
ATGCCCCCAGATGTAATTCCTAAGGTGGAACACAACACCATTGCAGATCAAATATTTAAA
ATGGGGGAGTTTGGGGGTGTTTTTTGGAGGGTTGGGTATAGGCACCGGTTCCGGCACTGG
GGGTGCTACTGGCTATGTTCCCTTAGGAACCTCTGCAAAACCTTCTATTACTAGTGGGCC
TATGGCTCGTCCCTCCTGTGGTGGTGGAGCCTGTGGCCCCCTTCGGATCCATCCATTGTGTC
TTTAATTGAAGAATCGGCAATCATTAACGCAGGGGCGCCTGAAATTGTGCCCCCTGCACA
CGGTGGGTTTACAATTACATCCTCTGAAACAACCTACCCCTGCAATATTGGATGTATCAGT
TACTAGTCATACTACTACTAGTATATTTAGAAATCCTGTCTTTACAGAACCTTCTGTAAC
ACAACCCCAACCACCCGTGGAGGCTAATGGACATATATTAATTTCTGCACCCACTATAAC
GTCACACCCCTATAGAGGAAATTCCTTTAGATACTTTTGTGATATCCTCTAGTGATAGCGG
TCCTGATCCAGTACCCTGTTCCTGGTACTGCACCTCGGCCCTCGTGTGGGCCTATATAG
TCGTGCATTGCAACAGGTGCAGGTTACAGACCCCTGCATTTCTTTCCACTCCTCAACGCTT
AATTACATATGATAACCTGTATATGAAGGGGAGGATGTTAGTGTACAATTTAGTCATGA
TTCTATACACAATGCACCTGATGAGGCTTTTATGGACATAATTCGTTTGCACAGACCTGC
TATTGCGTCCCGACGTGGCCTTGTGCGGTACAGTCGCATTGGACAACGGGGGTCTATGCA
CACTCGCAGCGGAAAGCACATAGGGGGCCCGCATTTCATTATTTTTTATGATATTTACCTAT
TGCACAAGCTGCAGAAGAAATAGAAATGCACCCCTCTTGTGGCTGCACAGGAAGATACATT
TGATATTTATGCTGAATCTTTTGAACCTGACATTAACCCTACCCAACACCCCTGTTACAAA
TATATCAGATACATATTTAACTTCCACACCTAATACAGTTACACAACCGTGGGGTAACAC
CACAGTTCATTTGTCAATTCCTAATGACCTGTTTTTACAGTCTGGCCCTGATATAACTTT
TCCTACTGCACCTATGGGAACACCCCTTTAGTCCTGTAACCTCCTGCTTTACCTACAGGCC
TGTTTTTCATTACAGTTCTGGATTTTTATTTGCATCCTGCATGGTATTTTGCACGTAAACG
CCGTAAACGTATTCCCTTATTTTTTTTCAGATGTGGCGGCCTAGCGACAGCACAGTATATG
TGCCTCCTCCTAACCTGTATCCAAAGTTGTTGCCACGGATGCTTATGTTACTCGCACCA
ACATATTTTATCATGCCAGCAGTTCTAGACTTCTTGCAGTGGGTGATCCTTATTTTTTCCA
TAAACGGGCTAACAAAACCTGTTGTGCCAAAGGTGTCAGGATATCAATACAGGGTATTTA
AGGTGGTGTACCAGATCCTAACAAATTTGCATTGCCTGACTCGTCTCTTTTGTATCCCA
CAACACAACGTTTGGTATGGGCATGCACAGGCCTAGAGGTGGGCAGGGGACAGCCATTAG
GTGTGGGTGTAAGTGGACATCCTTTCTTAAATAAATATGATGATGTTGAAAATTCAGGGA
GTGGTGGTAACCTGGACAGGATAACAGGGTTAATGTTGGTATGGATTATAAACAACAC
AATTATGCATGGTTGGATGTGCCCCCTTTGGGCGAGCATTGGGGTAAAGGTAAACAGT
GTACTAATACACCTGTACAGGCTGGTGACTGCCCCCCTTAGAACTTATTACCAGTGTTA
TACAGGATGGCGATATGGTTGACACAGGCTTTGGTGCTATGAATTTTGTGATTTGCAGA
CCAATAAATCAGATGTTTCCTATTTACATATGTGGCACTACATGTAAATATCCAGATTATT
TACAAATGGCTGCAGACCCATATGGTGATAGATTATTTTTTTTTTCTACGGAAGGAACAAA
TGTTTTGCCAGACATTTTTTTTAAACAGGGCTGGCGAGGTGGGGGAACCTGTGCCTGATACTC
TTATAATTAAGGGTAGTGGAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTAACACCC
CAAGCGGCTCTTTGGTGTCTCTGAGGCACAAATGTTTAAATAAGCCATATTGGCTACAAA
AAGCCCAGGGACATAACAATGGTATTTGTTGGGGTAATCAACTGTTTGTTACTGTGGTAG
ATACCACACGCAGTACCAACATGACATTATGTGCATCCGTAACCTACATCTTCCACATACA
CCAATTCTGATTATAAAGAGTACATGCGTCATGTGGAAGAGTATGATTACAAATTTATTT
TTCAATTATGTAGCATTACATTGTCTGCTGAAGTAATGGCCTATATTACACAATGAATC
CCTCTGTTTTTGAAGACTGGAACCTTTGGGTATCGCCTCCCCAAATGGTACATTAGAAG
ATACCTATAGGTATGTGCAGTCACAGGCCATTACCTGTCAAAAGCCCCACTCCTGAAAAGG
AAAAGCCAGATCCCTATAAGAACCTTAGTTTTTGGGAGGTAAATTTAAAAGAAAAGTTTT
CTAGTGAAATTGGATCAGTATCCTTTGGGACGCAAGTTTTTGTACAAAAGTGGATATAGGG
GACGGTCTCTATTTCGTACCGGTGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCCAAAGCCTCTGCTGCC

CTAAACGTAAGCGCGCCAAAACCAAAGGTAATATATGTGTATATGTACTGTTATATATA
TGTGTGTATGTACTGTTATGTATATGTGTTTATGTACTGTTATATGTGTGTATATATGTG
TATGTGTGTATATGTATATGTATGTGTGTGTGTATATATATGTGTGTGTGTGTTATGTGTG
TAATGTAATTTATTTGTGTAATGTGTATGTGTGTTTATGTGCAATAAACAACTAACTACA
TTATTGTATATCTTGTTACACCCTGTGACTCAGTGGCTGTTGCACGCGTTTGGTTTGCA
CGCGCCTTACACACATAAGTAATATACATGCACAATATATATATTTTTGTTTCCAATAAT
ATATTTTTTATATTTGCAACCGTTTTTCGGTTGCCCTGGCATACTTTCCACCAATTTGT
TACAACGTGTTGCCTGTTAATCCTATATATTTTTGTGCCAGGTACACATTGCCCTGCCAAG
TTGATTGCCAAGTGCATCATATCCTGCCAACACACACCTGGCGCCAGGGTGCGGTATTG
CCTTACTCATATGTTTTATTGCCACTGCAATAAACCTGTCTTTGTGTTATACTTTTATGCA
CTGTAGCCAACTCTTAAAAGCATTTTTGGCTTGTAGCAGCACATTTTTTTGCTCTTACTG
TTTGGTATACAATAACATAAAAAATGAGTAACCTAAGGTCACACACCTGCAACCGGTTTCG
GTTATCCACACCCTACATATTTCTTCTTATA

>gi|5059324|gb|AF151983.1|AF151983_Human_papillomavirus_type_83,_complete_genome

ATGTCAGGAGTGCAGTACCCACCAACATATTTCTGCTGTGCAAAGACTGCGAGGTGGAT
TTGGAAGACTTACGACTGATTTGCATTTATTGCACAAATGAATTAACAACAGCAGAAGTG
CTGTCCTTTGCATGGAAGGAGCTGTGTATTAAGTGGGACCACGAAGTGCCTACGGAGCG
TGTGCACAGTGTCTACGTAAAGCAGCAAAGGTGCGAGAGCTACGGCACTGGAGCCACTCA
AGCTACGGGGCAACAGTAGAAGAAAGAAACAAACCACTGGCACAGCTGTATATACGA
TGCCATATGTGCCCTGAAGCCGTTGAGTAGTCAAGAAAAAGAATATTTGGTGCAAACAGGT
GATAGACTTCATAATATAGCAGGACAGTGGACAGGACGGTGCTGCCATTGTAGGGCACCA
TGCACGGCCATACAGCAACAATAGCAGAGATTGTACTAGAAGAAATACCAGATATAGTTG
ACCTATATTGTAATGAACAAGGTATAGACAGCTCAGAGGAGGAGGATGATAGGGACTGTG
GCGTGCGTGACCAACTGGCAGAACAAGCAAAGCAGGCCTATAGGGTGTTAACAGTGTGTG
GTATGTGTGGCCAGGCACTTAGACTAGCAGTGCTGTGTGAAGACGCAGACCTAAAACGTC
TACAGGACCTTTTGGTGAATGCAGTGATATAGTGTGTCCCGGCTGTGCATAAGGACATG
GCGGATACGGAAGGTACAGATACTGGGACTGGGGAATTTAATACAGTAACCGGGGCAGGA
GGGTGGTTTATGGTGAAGCAATAGTGGACAAAACAACAGGAGATACAGTGTCAAGTGAT
GAGGACGAGGAGCTAACAGATAATGGAGAAGACCTTGTAGACTTTATAGACAGACACCCG
GGGGATGGGCAGGAAGTTCGGTTAGAGCTCTTTGTTCAACAACTGCAGAGGATGACGCT
GCAATAGTGCAGGCAGTAAAACGAAAGTTTGTATGTAGTCCTGCATCAAGTTCCTGTGCA
ACATGGGTGGACAGTGAACCTAAGTCCCGTTTGGACGCTATAAACTTAAATAGAAGACAG
GAAAAGGCTAGACGGAGGTTGTTTGTAGCAGGACAGTGGGTATGGCAATACGCAGGTGGAA
ACTGGAACATCAGAAAGTCAGGTACCCGGGGAAAATGAAGGCGTGGGGGGGGCTGTGGCG
GCACAGGAAACGAGGGGGGAGGGGCGGGAGGGGGGCGACGGCGAATCACAACCGCCTGTG
CAGGTACAGCAAACACAGGACAGAGCGCCAGAACTACTGGAGCTGTTTAAATGCAGTAAT
GTAAGAGCCGCCATCTTAAGTAAGTTTAAAGATTTATTTGGTCTATCATTTTATGATCTA
GTTAGACAGTTTAAAAGTGATAAATCCATATGTGGAGACTGGGTGGTGTGTGCATTTGGG
GTGTACTATGCCGTAGCAGAAGCTGTGAAAACGTTGCTGCAGCCACAATGTTTATATGCA
CATATACAGGTGCAAGCCAGCCAATGGGGAATGGTAGTACTAATGCTACTAAGATTTAAA
TGTGGCAAAAGCCGGGAAACAGTGGCTAAAATACATGGGTACCGTACTAAATGTACCCGAA
AAGCATATGCTAATAGAACCACCAAAAAATACGTAGCGGGCCATGTGCACTATACTGGTAT
AGAACAGCTATGGGGAATGCCTCAGAAGTACTTGGGGAGACCCAGAGTGGATTGTGCGA
CAAACAGTAGTAGGACATGCAATGGGAGAAGCCCAATTTAGTTTATCAATGCTTGTGCAG
TGGGCATATGATAACGATATCCAGGAGGAAAGCGACCTAGCATAACGGGTATGCACAGTTG
GGAAATACAGATCCCAATGCAGCTGCATTTCTAGCAAGTAATTGTGAGGCAAAATATATT
AAGGATGCAATGACAATGTGTAGGTTGTATCGGCGAGCGGAACAATCCAGAATGAGTATG
GCACAGTTGGATAGCGCATAGGGGGCGTAAGGTAGCAGACACAGGAGATTGGAAACATATT
GTGAAATTTTAAAATATCAAAATGTGGAATTTTATTTTCAATTTATTAGTGCATTTAAATTG
TTTTTAAAGGGAGTGCCTAAAAAAGCTGTTTAGTATTCTATGGACCTAGTGACACAGGG
AAATCATTTGTTTGTATGAGCCTTTTGCAATACCTAGGGGGCGCAGTTATATCTTATGTA
AATTCAAGCAGCCATTTTTGGTTGTCCCCATTAGCAGATGCTAAAAATAGGATTGCTAGAT
GATGCAACACGCGCAATGCTGGACCTACATAGATGTATATTTGCGCAGCATATTAGATGGG
AATCCAACAAGCATTGATAGAAAACATAGAACACTGACACAGCTAAAAGTGGCCACCACTA
ATGATAACTACTAATGTAGATCCACTGGCAGATGAGTCCCTAAAGTATCAACGCAGTAGG

ATTACAGTGTTTAAATTTTTTAAACAAATGTCCGGTAACCAACAGCGGGGAAGTAGTGTAC
ACACTAAATAACGAAACCTGGAAATCATTTTTCCAAAGGTCCTGGGCACGTTTAGAATTG
CATCAAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGATGGCATCGCTAGCCGACCGTTTAGA
TGCGTGCCAGGAGACGCTAATAGACCTTTATGAAAAAGATAGCAACAAGTTGGAGGACCA
GTTGTTGCATTGGCAATGTGTGCGTTTGGAACATGCAATATTATTTAGGGCAAAGGAAGC
AGGACATGCAAAAAGTAGGCCACCAGGTGGTGCCACCACCTTCATGTAACCAAATCAAAGGC
CTGTCAGGCCATTGCAGTCCATTTATCGTTGCAAAGCCTAAATGACAGTGACTTTAAGCA
CGAACCATGGACACTGCAGGACACATCTATGGAAATGTGGAACACACCCCCGCAGGGGTG
CTGGAAGAAAAAGGGACGCACAGTAACAGTGAGATTTGATAAAAGTGACTGTAATGAAAT
GGACTATGTAAGCTGGGGGCACATATATGTATATACGGAGGAAACAAGGACATGGCACAA
AGTGTCTGGGGGGTGTGGATTACGCGGGGACTGTATTATGAGGTGCAGGGACAGAAACAGTA
CTATGTGGAGTTTGTAAAGGAGGCCCAAAAATATGGGACGCAAAACATGTGGGAGGTGCA
TGTGGGCAACAATGTTATTCACCAACCATGCGACTCTGTATCTAGCACCCAGGACACCGT
GTGGGAAGTACCCCTTGCTGCAACTAGTACCAGGCTACCACACACCCGAGACCCCCACCGC
CAGCACCCAGGTGCTGGGCGCCCCCAGAGCACCACCCAAGTGCAGACGCCGCCCTGTCAA
GCGACAGCGACTCCTCTGGGACGGACAGCAGCAGCCCGACTCAACCCAGACAGAGCACCA
AAAGCACGTGGACAGTGGTGCCTACGGACACAGCAGTGACAGTGTCTGCACAAACGCCAC
AAGGGACACAGTGAACCGTTACCATAACCTGTAATCCACCTACAAGGTGAACCAAATAA
ACTAAAGTGCTTTAGGTACAGATTACATAAATCAGTACCAACATTGTTTGTAAAGGGCCAC
CTCCACATGGCATTGGACAAGTGGGGATGCCGCCACTAAAGCAGCATTGTGTAACCTTATG
CTATGCAAGTATAGAGCAACGGGAGCTATTTCTAACCAGGGTTACAATTCCAAAGGGTAT
AAAGGCAATGCAAGGATATATGTCTATGTGCTTTTAACTGTACATATGTATATATATATA
TAGTGTGTAATACGGGTATGTAACCAATAGTGTATAAGTGTGTTTGCAAATACCTGAGCC
ACTATACACCACACCATATACCAGTACAACCCCTGGATTACATATTGTGCTTGATTTGTTT
GTGGTGTATATTCTTGTGCTTCTAATTTGCTTCTGGCTTTCCTACCTTTCTGCATTTGT
GGCATTGTGTTGTGTTTATGTGTATATTGTATTTGGGGTTGTTATTGCTATATGTACAAGT
ATTGTGGTGTATAGGGTTTATATAACCACACAACCAGCCATTCACTGCTGCTACCTGTAT
ATACGTATTCCTGTGTATTGTACAATCACTATGTATCCATTGGAGGCTAGAGGTGGGGG
GCAGGCATATGATTTAATTGTTATTGGCCGGGACGAAGTGGGATTACTGCTTATTATTTT
AATTCTCATCGTAATTATTATTATTTTGTGCTGTACATGCGGCTACTACATATGTAACCACC
TCCCTTCTGTATACCACATGTAGGGTATTGTTTTGTACTGTTTGTTTTTTACTTTCTT
ATTGGCAATAAACATAGTTATATATACAATGTCCCATGTGCATAGGCGGCGCAAAGGGC
GTCTGCAACTGATTTGTACCGTACCTGTAAGGTTGCAGGTACATGCCCCCTGATATAGT
CCCTAAAATTGAAGGTGACACATGGGCCGATAGGTTTTTAAAGTGGGCAAGCCTGGGGCT
GTTCTTTGGACGGCTTGGCATTGGTACGTCCTCTGGCACCAGGTGGTGCACAGGCTATGT
GCCCTAGGTACCCGTCTCCACGGTGGTTGACGTAGGGCCCACAGCGCGCCCCCTGT
GGTCATTGAACCTGTGGGTGCCACTGAACCATCCATTGTTAACCTTGTGGAGGATTCTAG
TGTTATTGAGTCTGGGGCTACTATACCTACCTTTACGGGCACACATGGCTTTGAGGTTAC
TAGTTCTCTCACTACAACCCCCGCAGTATTGGATATAACGCCGTGCTCCGCCACGGTACA
GGTTAGCAGCTCTAGTTTTACCAATCCTTTATTTACTGAGCCGTCCATAATTGAGCCTCC
ACAACATGGTGACATTACAGGACATGTGTTTACTAGTACCGCTACATCTGGTACTCACGG
GTTTGGAGGAAATTCCAATGCAAACATTTGCAACCTCTGGGGGTACAGGCCAGGAACCTAT
TAGTAGTACTCCTATTCTGGGGTACGCCGTGTTGCGGGTCTCTCGCCTAGGCCTTTACAG
CCGTGCCACATCTCAGGTTAAGGTGCCTGATTCTGCCTTTATGTCCCGCCCTGCATCTTT
TGTAACATATGACAATCCTGTATTTGATCCTGATGAACTATTATATTGAAACACCCTAG
TTTACATAATCCACCCGATCCTGATTTTCTGGATATTGTTTCATTACATAGGCCTGCCTT
AACAGCCAGACAAGGTACTGTGCGGGTGAGTCGTGTTGGCCAAAGGGCTACCTTGCGTAC
CCGTAGTGGCAAACAATCGGGGCCCGTGTACATTTCTATCATGATATTAGCCCCATTCC
GCCACGGAGATCCATTGAGCTACAGCCCTTGGAACCCCTCCGTGGCAAACACCTCCTTATA
TGACATATGTCAGATGATGTTTTTTTTGGAGTCCCTCGGTGCCCTGCGGCCATCCCCCTC
ATCCACCTCTGTCTCTTGACGTCCACTAATGTTTCTGCTACCTCTGCTGTGACTGCACA
GTATGACAATGTTACAGTGCCACTGTCCCCTGGAATTGGATGTACCTGCCCTTTCAGGCCC
TGACATACACGGTGCTGCTCATATGCCTGCAGACCCTTCTGTTCTGTGCCATCTAATAT
TCCTATTCACTGTGTGTTTATAGACGGTACTGACTATTATTTATTGCCTAACTACATTTT
TTTCCCTAAAAACGTAAACGTGTGCACTATTCTTTTGCAGATGGCTATGTGGCGGCCTG

GTGACGGCAAGACGTACTTGCCCTCCCACTCCTGTGTCTAAGGTTATCAGTACGGACCGTT
ATGTTACACGCACCAACCTCTTTTATTACGGTGGCAGCTCCAGACTTCTTACCGTAGGAC
ATCCATATTATCCTGTACAGGTTAATGGTCAAGGAAAAAAGCCACTATCCCAAGGTTT
CTGGCTACCAATATAGGGTGTTCGCATTAGATTACCTGACCCTAATAAGTTTAGCCTTC
CTGATACGTCCCTATATAATCCTGACACGGAACGCATGGTATGGGCATGCCGCGGTATAG
AGGTTGGTTCGTGGTCAGCCTCTTGGCGTGGGCACCTAGTGGCCATCCCCCTATATAATCGGC
TGGATGACACTGAAAACACACCATTGCTTGCTGCTGCAGACACAGATAGGCGTGACAATG
TCTCAGTGGATTACAAACAAACGCAGCTTATTATCATTGGGTGTAAGCCCCAATAGGGG
AACACTGGGCAAAGGGTACTGTGTGTTCCGGTGTGTCCCCGCAGCGTGGCGATTGTCCCC
CCCTACAGTTTGTAAATTCTACTATACAGGATGGCGACATGGTGGAAACAGGCTATGGTG
CCATGGATTTTGGCACCTTACAGGAATCTAAGTCTGAGGTTCCCTATTGATATCTGCACTG
CCACCTGTAAATATCCTGATTATTTACAAAATGGCTGCGGAACCATATGGTGATTGTATGT
TCTTTTGCCTCCGTAGGGAACAAATGTTTGACAGACATTTTTTTAATAGGCATGGCACTA
TGGGCGAGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACA
CTCTTACCAGCTACATCTATGCTCCTACTCCTAGTGGCTCCCTGGTATCGTCCGATTCCC
AACTATTTAATAAGCCCTACTGGCTGCATCGTGCCAGGGACATAATAATGGCATTGTGT
GGTTTAATGAGTTATTTGTTACAGTTGTAGATACTACCCGCAGTACCAATATTACTATTT
CAGCTGCTGCTACACAGGCTAATGAATACACAGCCTCTAACTTTAAGGAATACCTCCGCC
ACACAGAGGAATATGCTTACAGGTTATATTGCAACTTTTGCAAAATACATCTGACCCCTG
AAATTATGGCATACCTACATAGTATGAATGAACATTTATTAGATGAGTGGAATTTTGGCG
TGTTACCGCCCTCCCTCCACCAGCCTTGATGATACCTATCGCTATCTGCAGTCCCGTGCTA
TTACCTGCCAAAAGGGTCCTTCCGCCCTTGCCCTAAAAAGGATCCTTATGATGGCCTTG
TATTTTGGGAGGTTGATTTAAAGGACAAACTATCCACAGATTTAGATCAGTTTCCTTTGG
GCCGTAAGTTTCTTTTGCAACTGGGTCCCCGTTCTGTGTCTGTGTCTCGTAAGCGCCCTG
CCTCTACCGCCCCGTCTGCCCTTCTAAGAAAAAGGTTAAAAGGCGCAAGTAACATATGT
GTGTGTGTGTTTGTGTGTATATCTGTGTTTGTGTCAGTGTTATGCCTATATGCGGTGGTAT
GCCTTTGTGTTATGTATGTGGCAGTACCGTTGTATGTGTTTGTGTATTATATGTTTGTGC
ATGTATCTGTGTTTTGTCTGTGTAGTATGTGTATGTATCTGTGTGTTTTGTATGTGTATA
CATTGTGGAATGTATGTGTTGTGTGTGCTTTAATAAACTGTGTGTCAATTGTGTTGCCGTG
GACTAGTGTCCGGCTGCGCCCCGTGCAGTGTCCGGCTGCACCCCATGAGTAACCCCTCCA
TGGCACCTATGTCCTGCACCACCCTATAGTTCCCTGACCCCGTAGGTTACTAGTTCCTTTT
GTGTTGGCGCGACCGGTTTCGGTCTCCCGCCTTTTCGGTCTTTGCAGTGGCACGTTGCCA
TTACACACAATGGTAAGTAATCCCTTATTAACCTCATATCCTGCATACTTTCTGTGCCAAC
TATTTGCACCTGGGAGTGCCTGACAGTTTGTGTTGGCTGCACAATATGATTTTTTTGACAGGC
TTATATTGTACTTGTACTTCTTTTGCATAAAACTGCTTTTAGGCACATACTTTTTCATGA
CTACTTTCCCTAAGTACTGTTTTGGACATGTAGACTATTGCAGTAGCCAACCTATGTGTC
TATCCAGTAATCCTGCAGTTCTAAACTTGTTGCACACACCAGGTCGGTTACTACCTACA
CAGCACTTTCTTTGTAATAATTTATAACAATCACATAGTAAAAAAGTAGGGTGTAACCG
AAATCGGTCGGACCGAGGGGTATACATATAAAAGGGAAGTGTAGGCTCAGCACAGCCAGG
AGCT

>gi|12958167|gb|AF293960.1|AF293960_Human_papillomavirus_type_84,_complete_genom
e

ATGCCCCACGGACGCTACCACCCCACCAATATTTTTGTGCTGTGCCAGGAATACGAGGTG
GAGTTTCGACGACCTACGATTAATTTGCATCTTTTGCAGGAAGAATTAACGGAAGGCGAA
GTGCTGGCCTTTGCAGTAAAGGAATTACTAATTGTTTGGAGGTATAATTCCCTCATGGG
GTGTGCATGAAATGCTTATGCAGGGAAGCCAAAGTACGTGAGCTACGCCACTGGGATTAC
TCCAGCTTTGGACCAACAGTGGGAAGAAAGAACAGGATTACCACTTGCACAAATAAATATA
AGGTGCCACGCGTGTGCAAGCCATTGTGCTATCAGGAAAAGGAGTATATGGTGGAATTG
CAGTTGCTATTCCACAAAATAGCTGGACAGTGGACAGGGAAGTGCTGCAACTGTAGGGTA
ACATGCGCGGCCAGACGCCAACGTTAAAGGATATTATTTTAACAGATATACCAGATGTAG
TTAGTTTATACTGTGACGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAGGAGGATAATGGGGATT
GCTTGCGTGACCAACCTGCAAAACCAGCACAGCTGGCCTATAGGGTGGTAACAGAGTGTG
GGTTGTGTAGCCGTCCAGTTAGGCTGGCGGTGCTTTGTGGAGTGGAAGACCTCAGAAAGC
TGCAGCAGCTTATAGTGGAAGCAGTGGCCATAGTGTGTCCCGGCTGTGCATAATATGGCA
GAGTCACCTGAAGGTACCGATGGGGGGACTGGCGGGGGGGCTGGGGGATGGTTTGTGGTG

GAAGCCATGGTACACCAGGCAAACACCGATGTGTCTAGCGATGAGGACGAAACACGTATA
GATACAGGAGAAGATTTGGTAGACTTTATAGATGATACCAGACATCCAGGGGATGGACAG
GAAGTGCCGTTAGATTTGTATGTTCAACAAACAATACAGGATGACGCTGCAACGGTGCAA
GCCCTAAACGAAAGTTTATGGGAAGCCAGCAACCAGTTCCTGCGCATCCTGGGTGGAT
AATGAAC TAAGTCCACGGTTGAATGCAATATGTTTGCAGAAAAGGCACGACAAGGCCAGG
AGAAGGTTGTTTGACCAGGACAGTGGGTATGGCAATACGCAGGTGGATATCGGAACATCC
GAGAGTCAGGTACCAGGGGGAACCACTAACAGCGGGGGGGGAGACGTAACACAGGACGTT
GTAGAGGAGGAACGCAGGGGGGGGGATGGGGAAACACAGCCACATGCAAAACACGCAGCAC
ACACAGCAGACGGAAGGCACACCAGACGCATTAGACCTGCTGCAGGTTAGTAACCTAAGG
GTAAAACTATTAGGAAAATTTAAGGAACTATTTGGGCTGTCCTTTATGGATCTGGTAAGA
CAATTTAAAAAGTAATAAGTCAACATGTGGAGACTGGGTGGTGGGGGCATTTCGGGGTGTAC
CATGCAGTGGCAGAAGCAGCAAAAACTGCTACAGCCTGTGTGTGAGTATGCACATATC
CAAACATTAAC TAGTGAATGGGGAATGGTAATGCTGCTGCTACTGCGCTTTAAGTGTAAAC
AAAAGCAGGGAAACAGTAGCGCACTGTATAGGTGGCATTTTAAATGTACCCGAAAAACGT
ATGCTAATAGAGCCCCCAAAGCAACGCAGCGGGCCATGTGCACTATATTGGTATAGAACA
GCAATGGGCAATGCATGTGAAGTGTTAGGGGAAACACCAGACTGGATAGTACGACAAACT
GTAATTGGGCATGCAATGGGGGAAACGCAGTTTAGTTTATCAAACTAGTGCAGTGGGCA
TATGACAATGACATTACAGATGAAAGTGAAC TGGCCTATGAATATGCACAATTGGGAACA
GAGGAGCCAAATGCAGCCGCCTTCTTAGCAAGCAATTGTCAGGCACGATATATAAAGGAT
GCAATGACATAATGTGCAGACATTATAGACGTGCAGAACAGACACGTATGAGTATGTCACAA
TGGATAACATATAGGGGGCGCAAGGTAGCTGATACAGGCGATTGGAGGCATATAGTAAAA
CTATTAAGATATCAAGGAATAGAATTTATTAGCTTTATGACAGCATTAAAGCAATTCCTA
AAGGGCACACCAAAAAAGGCTGTTTTGGTATTTTTATGGACCCAGCGATACAGGCAAATCG
CTGTTTTTGCATGAGTTTAAATAAACTATTTAGGTGGAACAGTTATATCCTTTGTAAATTCT
ACTAGTCATTTTTTGGCTGTGCGCACTGGCAGATGCTAAAATAGGATTGCTAGACGACGCC
ACATATCAATGCTGGATATATATGGATACATATTTAAGAAGTGTGCTAGATGGCAATGTA
ATAAGCGTAGACAGAAAACATAAAAACTAGTACAGTTAAAATGTCTCCGTTACTAATA
ACAACAAACATAAATCCAGAACTGATGACACATTTAAATACTTACGCAGCCGAATGGTT
ATTTTTCCCTTTTTTAAACAAGTGCCCACTGGATGCCAATGGAGACCCAGTGTATCAATTA
AATAATGAAAATTGGAAATCCTTTTTTTCGAAGGTCGTGGGCACGCTTAGACTTAACCCAG
GAGGAGGAGGAGGAGGAGGTCCCAAAATGGAAACCCTAGCCGACCGTTTAGATGCGTG
CCAGGAGAAGCTAATAGACCTTTATGAAAAAGATAGCAACAAGCTTGAGGACCAGTTAAT
GCATTGGTACTACACGCGCTTGAACAAGCTATGCTGTTTAAAGGCAAGAGAAGCAGGACT
AAGACACATAGGCCACCAGGTGGTGCCACACTTAGTGTGACAAAAGAAAAAGCTCGGCA
GGCCATAATGGTGCATTTATCTTTGCAAAGCCTAAATAATAGTGCATTTAAGCACGAGCC
ATGGACATTGCAGGACACATCATTGAACATGTGGACAGTAGCCCCAAAAGGGTGTGGAA
GAAACATGGACAGCCCATCAGAGTAAAATATGATGGAGAAGATGATAAAGAAATGGAATA
TGTAAACTGGGGGTTTTATATATGTACATTGTGCCAGTGAGGACACCTGGTATAAGGTACC
TGGACAGATTAGCAACAGAGGGCTGTATTATGAACTGCAAGGCTGCAAAACATTACTATGT
GGAATTTGCAAAGGAGGCAAAACAGTATGGGGTAAAAAACATATGGGAGGTGTATATGGG
AGGCAAAATAATTTACCATGCATGCGACTCTGTATCCAGCACCCAGGACGCCGTGCCAGA
AGTACCCACTGCTGAACTGCTGCACAGCTGCACCACACCACCACCGCGCCACCCCCAC
CACCCAGCGCTGCACCAAGACTGCCCCCAGGTGCAGGCGCCGCTGCTAAGCGACAGCG
ACTCGGAGGGGACACAGTTTACGAGCCCCGACTCTACACAAGGACACCGGCCGTTGACAG
TTGCAGCACAAGGACAAACAATAACTGTGACAGCCCAAACGGCCACGGGAACACAGTAA
CTGTGACAGTGCACCTGTCTACACCTAAAAGGTCAATCCAATAGCCTTAAGTGCTTTTCG
ATATAGGTTACACAGTCGGTGCCCTGACCTGTTTGAAGGGCATCGTCCACGTGGAAGTG
GACCTGCGGGGGGGAGGGGACAAAACATCATATGTAACACTATGGTATAAAAGTACGGA
CCAACGCAACACAGCTCTTGGCACGTGTACATATACCAAAGGCATTGTAGCCACACTTGG
TAGTATGTCTATGGTTATGTAAACAGTACCCATTGTATATGTATAGTGTAATGCTGTAT
TACTGAGCCATTTGTAACAATTGTGTATGTCCTACATACCTGGCAAATAGGGCACAACCC
TGGAACCTATTGTGTGGGCAGTGCATGTATGGTGTAAATGTGTTGCTGCTGCTAGTTCCTT
TCTGGCTTTCCACCTATCTGCTTTTGTTCATTTGTTGTGTTTGTGTGTGTTTTATATT
TTGGGTTGTTGCTGTTATATTTGCAGGTGCTGTGGTACATTGAATTGTTATAACACACA
ACCAGCCAACGACTGCTGCTACATATCCCTGTACAGTCCCGGTCTACCTATTATGTATC

CCATGCAATTACGGGGTCCCCAGGGTGGGTATGACATAGTGGTGTTTGAGCGTGGTGATG
TAGGTCTTTTTACTATTATTTTGCTTTTAATTGTTATTATTTTACTTTGGCTGTGCCACC
GTGTTATGCAGTTTTAAAGTGCTTTTGTATTTTGTACATACTATAATAAACACTTGGTA
CCATGCCCCAAGGTTCTTAAACGTGCGAAGCGTGCTTCTGCCACGGACCTTTATCGCACCT
GCAAGGCCACTGGAACACGTCTGTGATGTTATTCCTAAGGTGGAAGGGGATACATGGG
CGGATCGCTTTTTAAATGGGCCAGCCTGGGTGTGTTTTTTGGTGGTCTGGGTATTGGCA
CATCCTCTGGCACGGGTGGCCGTACGGGCTATATACCCCTTGGTACCCGGCCTCCTACTG
TGGTTGATGTAGGCCCTACGGCCCCGTCCGCCCGTTGTCATTGAACCCGTTGGCGCTGCAG
ACCCTTCAATTGTTACCTTGGTGGAGGATTCCAGTGTTATTAATGCCGGGGCCCCTTTTTC
CTAACTTTACGGGTACTGGTGGGTTTGAGGTCACCACATCCTCTATTACCACACCTGCGG
TTTTAGACATCACCCCTCGGGGTCGTCTGTGCAGGTGAGTAGTACCAGTTATGTTAACC
CGCTGTTTACTGAGCCTTCTATTATTGAGCCTCCCCAGGCAGGGGACATTACTGGTCATG
TGTTGTCTAGTACAGCCACGTCCGGGTACACATACCTACGAAGAAATCCCCATGCAAACCT
TTGCCGTGCAGGGGGGTACGGGCCTAGAACCATAAGTAGTACACCCACACCTGGGGTGC
GGCGCCTTGCAAGGCCCTCGCTTAAATTTATACAGTCGTGCCACTCAACAGGTTCCCTGTGG
CTGACACTGCATTCTTATCACGTCTGAATCATTGTTACCTTTGACAACCCTGTGTTTG
ACCCCGAGGAAACAATTATATTTGAACATCCTAGTTTACATGCGCCACCCGATCCTGACT
TTCTGGATATTGTCACTTTACATAGGCCGGCGTTAACTGCACGTAGGTGAGGTGTACGGT
TCAGTCGCATAGGCCAAAGGCCGTCTATGCGCACACGCAGTGGTAAACATATTGGGGCCC
GTGTTTCATTTTATCATGACCTTAGCCCTATACCACATCTTGAGGATATTGAGCTGCAGC
CCCTGGTATCATCCTCTGTCTGTGCCTACGGATTCTATTATATGATATATATGCAGATGATG
CCCATTGTCTCTGTATTGCGTCCCCCTTCCGTTTCTGCCCTACGTCCAGCTTCCCCCT
TTGCCCTCTGCAGACCTTTCTGCCACCTCCATAACCGCCTCCACATATGATAATGTCACTG
TCCCGTTGTTTTCTGGCACCGATGTGCCCGTCTATACAGGCCCTGATATTGACCATTCTG
CTGCTCCCTCCGCACCTCCCTTTGTTCTGTATTCCCTAGCACAAACCCCATATGCTATTT
ATATCCTGGGGTCAGATTATTATTTGCTTCCTAATTATATATTTTTTCTAAAAAGCGTA
AACGTGTGCCCTATTCTTTTTTTCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTATAT
CTGCCCCCACTCCCGTGTCTAAGGTTATCAGCACGGATCGTTATGTCTCTCGCACCAAC
TTATTTTATTTATGGTGGTAGTTCTCGCCTGCTTACTGTGGGACATCCATATTATTCTGTT
CCTGTGTCTACCCCTGGGCAAAACAACAAAAAGGCCACTATCCCCAAGGTTTCTGGGTAT
CAATACAGGGTGTTTAGGGTCCATTTACCTGACCCCAATAAGTTTGGTCTTCCGGATGCA
CAATTATATAATCCTGACACCGAGCGCCTTGTGTGGGCTTGTAGGGGTGTTGAGGTAGGC
CGCGGGCAGCCTTTAGGCGTTGGCACTAGTGGCCACCCTTTATACAATAGGCTTGATGAC
ACTGAAAACACCCCTTTTCTTGCTGTCTGGGGACACTGACAGTAGGGATAATGTTTCTGTG
GATTATAAACAACACAGCTGTTAATTATAGGCTGTAAGCCGTCTATTGGGGAACATTGG
GGTAAGGGTACTGTATGTACTAATGTGCAATATCGTGCGGGTGATTGCCCCCTTTGCAG
TTCACTAATTCTACCATTGAGGATGGTGATATGGTTGAGGCTGGCTATGGTGCTATTGAT
TTTGCCACACTGCAGGAAAGTAAGTCAGAGGTGCCCTTTGGATCTCTGCACCACTACCTGT
AAATATCCTGATTATTTACAAATGGCTGCAGAGCCGTATGGCGATTGTATGTTTTTTTGT
CTTCGGCGGGAGCAAATGTTTGCTAGGCATTTTTTTTAAACAGGCAGGGTACTATGGGTGAG
GAGGTGCCTCAGTCTTTTTTACCTTAAGGGGACCTCCTCCCGGGCAACCCCTAGCAGTTCT
GTGTATGCCCCACACCCAGTGGCTCTATGGTGTCCTCGGATTCCCAATTGTTTAATAAG
CCATACTGGTTGCAAAAGGCCAGGGTCATAACAATGGTATATGCTGGTTTAATCAATTG
TTTGTACGGTGGTAGATACCACCCGCAGCACCAATTTTACTATTAGTGCTGCTACCAAC
ACCGAATCAGAATATAAACCTACCAATTTTAAGGAATACCTAAGACATGTGGAGGAATAT
GATTTGCAGTTTATATTCCAGTTGTGTAAGGTCCGTCTGACTCCAGAGGTCATGTCCTAT
TTACATACTATGAATGACTCCTTATTAGATGAGTGGAATTTTGGTGTGTGCCCCCTCCC
TCCACAAGTTTAGATGATACCTATAGGTACTTGTCAGTCTCGCGCCATTACTTGCCAAAAG
GGGGCCGCCCGCCGAAGCCTAAGGACGATCCTTATGCTGGCATGTCCTTTTGGGATGTA
GATTTAAAGGACAAGTTTTTCTACTGATTTGGATCAGTATCCCTTGGGTGCGAAGTTTTTA
TTGCAGTCTGCCCCACGTTCCACCCTGGTGTCCCGTAAACGTACAGCGTCTGCCTCTACC
CCCCCTGCCCTCCAAACGGCGTAAGGCCAAAAAGTAATATGTGTCTGTTTGTGTTGGTGTCT
GTGTCTGTTTGTGTTGGTGTCTGTACAATCTCTGTGTGTGCCATTTTGTATGTGTTTTGTA
CTGTTCTGTATGTGCCCTGTTATGTATAATGTGTATGTATTTATGGAATGCGTGCCCCCTG
TATGTTGTGTATGTTGTGTACATGTATTTGTGGAATGTGTGTGTCATGTTATGGATCAATAA

ATTGTGTGTCATTGTGGGTTTCATGTCCGGCTGCACCCTGTGAGTAAGTGTGCACCATGT
ACACGCCTGGGTAGGTCTACTGTTTCCTTTAAGGGTATAAAGCCTCCATTTTGTATGCAA
CCGTTTTTCGGTCTCCCGCCTTTTCGGTCTGTGGTATGGCACTGTCCCAGGTACAGCTAAT
CCTTTGGCAGCCCAACATCCTGCGTAGGCAGCTGCAGACGTCCGCACCCAGGTGTGTCTG
TCAGCTATTTCAATATGCTAATAAATGTATTGTCTACAGTTTATAGGTTTACTTACTCAT
CTGCAAAAAATATGCTTTTAGGCAGTTTTTTTGGCCTACAACCTTCCCTTAAGTGCATAGT
TGGCAGGCCGTGCACACTGTGCTGCCAGGTTTCTGTCTTGTAATAATACCACAATACTTAT
GTAACACACCCGTTTCGGTTGCTATGTTATTCATACTATTTTCTTATACTTTACAACAAT
GATACAGTAAAAAATAGGGAGGGACCGAATTCCGGTCCCACCGAAAGGGATACATATATA
AAGGGCAGCAAACGGTACCCGGACAGCC

>gi|333245|gb|M62849.1|PPHT39_Human_papillomavirus_ORFs

CTTATAACATTTTATAAGTATCTTGTTTAAAAAAGGGAGTAACCGAAAAACGGTCAGGAC
CGAAATCGGTGGATATAAACGCAGTCACAGTTTCTGTCCATACCGATGGCGCGATTTCA
CAATCCTGCAGAACGGCCATACAAATTGCCAGACCTGTGCACAACGCTGGACACCACCTT
GCAGGACATTACAATAGCCTGTGTCTATTGCAGACGACCACTACAGCAAACCGAGGTATA
TGAATTTGCATTTAGTGATTTATATGTAGTATATAGGGACGGGGAACCACTAGCTGCATG
CCAATCATGTATAAAATTTTATGCTAAAATACGGGAGCTACGATATTACTCGGACTCGGT
GTATGCAACTACATTAGAAAAATATACTAATAACAAAGTTATATAATTTATTAATAAGGTG
CATGTGTTGTCTGAAACCGCTGTGTCCAGCAGAAAAATTAAGACACCTAAATAGCAAACG
AAGATTTTCATAAAATAGCAGGAAGCTATACAGGACAGTGTGCGAGGTTGCTGGACCACAAA
ACGGGAGGACCGCAGACTAACACGAAGAGAAACCCAAGTATAACATCAGATATGCGTGGA
CCAAAGCCCACCTTGCAGGAAATTGTATTAGATTTATGTCCTTACAATGAAATACAGCCG
GTTGACCTTGTATGTCACGAGCAATTAGGAGAGTCAAGAGGATGAAATAGATGAACCCGAC
CATGCAGTTAATCACCAACATCAACTACTAGCCAGACGGGATGAACCACAGCGTCACACA
ATACAGTGTTTCGTGTTGTAAGTGTAACAACACACTGCAGCTGGTAGTAGAAGCCTCACGG
GATACTCTGCGACAACCTACAGCAGCTGTTTATGGACTCACTAGGATTTGTGTGTCCGTGG
TGTGCAACTGCAAACAGTAACCTGCTATGGCCAATCGTGAAGGTACAGACGGGGATGGG
TCGGGATGTAACGGATGGTTTCTAGTACAGGCAATAGTAGATAAAACAAACAGGCGACACA
GTGTGCGAGGATGAGGATGAAAATGCAACAGATACAGGTTTACAGCCTGGCAGACTTTATT
GATGATTCCACAGATATTTGTGTACAGGCAGAGCGTGAGACAGCACAGGTACTTTTACAT
ATGCAAGAGGCCCAAAGGGATGCACAAGCAGTGCCTTAAAACGAAAGTATACAGAC
AGCAGTGGCGACACTAGACCGTATGGAaaaaaAGTAGGCAGGAATACCAGGGGAACACTA
CAGGAAATTTTCAATTAATGTAAGCAGTACGCAGGCAACACAAACGGTGTATTCCTGTCCA
GACAGCGGATATGGCAATATGGAAGTGGAACAGCTGAAGTGGAGGAGGTAAGTGTAGCA
ACTAATACAAAATGGGGATGCTGAAGGGGAACATGGCGGCAGTGTACGGGAGGAGTGCAGT
AGTGTGGATAGTGCTATAGATAGTGAAAACAGGATCCCAAATCTCCAAGTGCACAAATT
AAATTATTGTTACAATCCAATAACAAAAAGGCTGCAATGCTAACACAATTTAAAGAAACA
TATGGACTATCCTTTACTGACCTGGTACGTACGTTTAAAAGTGATAAAACAACATGTACA
GACTGGGTGGCAGCCATATTTGGAGTACATCCAATATTGCAGAAGGATTTAAACATTA
ATCAACAAAATATGCCTTATATACACATATACAAAGCTTAGACACAAAAACAAGGAGTACTA
ATTTTAATGCTAATAAGATATACATGTGGAAAAAATAGGGTTACTGTAGGAAAGGGATTA
AGTACATTGTTACATGTTCCAGAAAGTTGTATGCTTCTGGAGCCTCCTAAACTGCGCAGC
CCTGTAGCAGCACTATATTGGTATCGCACAGGTATATCCAATATTAGTGTGGTAACAGGG
GATACGCCAGAATGGATACAACGATTAACCTGTTATACAACATGGAATAGATGATAGTGTA
TTTGACCTATCGGACATGGTACAATGGGCATTTGACAATGAATATACTGATGAAAGTGAC
ATAGCATTTAATTATGCAATGTTAGCAGATTGTAACAGTAATGCTGCAGCCTTTTTAAAA
AGTAACTGCCAGGCAAAATATGTAAAAGATTGTGCAACAATGTGTAAACATTACAAGCGA
GCACAAAAAAGGCAAATGTCTCATGTCTCAATGGATAAAATTTAGGTGTAGTAAATGTGAT
GAAGGCGGGGACTGGAGACCCATAGTACAATCTTAAAGATATCAAGGAATAGAATTTATA
TCCTTTTTTATGTGCATTAAGGAATTTTTAAAGGGTACTCCCAAAAAAACTGTATAGTT
ATATATGGACCTGCGAATACAGGAAAGTCACATTTTTTGTATGAGCCTTATGCATTTTTTA
CAGGGCACAGTTATTTTCATATGTAAACTCCACCAGCCACTTTTGGCTAGAACCACCTTGCA
GATGCAAAACTAGCAATGTTAGATGATGCAACCGGTACCTGCTGGTCATATTTTCGATAAT
TATATGAGAAATGCATTAGATGGGTATGCAATAAGTTTAGATAGGAAATATAAAAGTTTA
CTACAAATGAAATGTCCACCATTATTAATAACCTCCAATACCAATCCTGTGGAAGACGAT

AGGTGGCCATATTTACGTAGTAGGCTAACAGTGTTTAAATTTCTAATGCATTTCCATTT
GACCAAAACAGGAATCCAGTGTACACAATCAATGATAAAAACTGGAAATGTTTTTTTGAA
AAGACTTGGTGCAGATTAGACTTGCAGCAGGACGAGGATGAAGGAGACAATGATGAAAAC
ACTTTCACAACGTTTAAATGTGTTACAGGACAAAATACTAGAATACTATGAACAAGACAG
TAAATCAATATATGATCAAATTAATTATTGGAAATGTGTGCGAATGGAAAAATGCAATATT
TTATGCAGCACGAGAACGTGGCATGCATACTATTGACCACCAGGTGGTGCCAACCATAAA
CATTTTCAAAATGTAAAGCATATCAAGCTATTGAACTGCAGATGGCACTAGAAAGTGTTCG
ACAAACTGAATACAATACAGAGGAGTGGACATTTAAAAGACACTAGTAATGAACTGTGGCA
TACACAGCCAAAACAATGTTTTTAAAAAACAAGGAACTACAGTGGAGGTGTGGTATGATGG
GGACAAATGTAATGCTATGAACTATGTATTATGGGGTGCTATATATTATAAAAAATAATAT
AGACATATGGTGTAAAACAGAAGGGTGTGTGGACTATTGGGGTATATATTATATGAACGA
GCACCTAAAAGTATACTATGAAGTGTATTATCAAGATGCGGAAAGGTATGGGACTAGTGG
CAAATGGGAAGTGCATTATAATGGCAACATAATTCAATTGTCCTGACTCTATGTGCAGTAC
CAGTGACGGATCGGTACCCACTACTGAACTTACTACCGAATTATCAAACACCACCGCGAC
CCATTCCACCGCAACAACCCCATGCACCCAAAAACAATCCCGCCGCCGTCTCGAAAGCG
ACCTCGACAGTGTGCAGTCACAGAGCCCACTGAGCCCGACGGAGTGTCCCTGGACCATCT
TAACAACCCACTCCACAGTAACAGTACAGGCCACAACAAGACGGTACCTCAGTTGTGG
TAACACTACGCCTATAATACATTTAAAAGGTGACAAAAATGGTTTAAATGTTTAAAGATA
TAGACTACAAAAATATGACACATTGTTTGAAAAATATTTTCATGTACTGGCATTGGATACG
GGGTAAAGGGAACCAAAAACGCTGGCATATTAACCTGTTACATATGCCACAGAGTCACAACG
CCAAAAATTTTGGACACTGTTAAAATACCTTCTAGTGTACATGTTTCATTGGGTACAT
GACATTGTAAAGTATACTATGGATATTGTGTATGTATATTGTATACATACTACATAGATG
ATATTATTGGTATTTTTTGGTGTGGTTTGGTGTGTGTATATATATATGTTGCAATGTCCCG
CTTTTGCCGTCTGTGCATGTGTGTGCGTATGTGTGGATAATTGTGTTTGTGTTTATTCTT
ATACGTACCACACCATTGGAGGTGTTTTTTGTATATTTACTATTTTTTGTATTGCCCATG
TGGTTGTTGCATAGACTGGCAATGGATATGATATAGTACTGTATATGTATGTGCATTGTG
CATAACTACTGTACATAGCTTTTTTATATTTTTTTTTTGTACTAATAAACATGGTTTCCCA
CCGTGCTGCCAGGCGTAAGCGTGCATCTGCAACTGACCTATATAGAACCTGTAAACAATC
GGGTACCTGTCCACCAGACGTTGTTGATAAAGTTGAGGGTACTACACTTGCTGACAAAAT
TTTACAGTGGACTAGTTTAGGTATATTTTTGGGTGGGTAGGCATAGGCACAGGTACTGG
TACTGGGGGACGCACAGGATATATACCCCTGGGGGTAGGCCTAATACTGTTGTAGATGT
GTCTCCTGCACGTCCACCTGTAGTTATTGAACCTGTTGGTCTTCTGAGCCATCTATTGT
GCAATTGGTGGAGGACTCAAGTGTTATAACCTCTGGAACACCAGTACCAACATTTACAGG
CACCTCTGGATTTGAAATTACTTCTTCTTCTACTACTACGCCTGCGGTATTGGATATTAC
ACCCTCCTCTGGGTCTGTACAAATAACCTCTACTAGTTATACTAACCCCTGCCTTTACGGA
TCCTTCCTTAATTGAGGTTCCCCAAACAGGTGAAACCTCGGGTAATATATTTGTGAGTAC
CCCTACATCAGGTACACATGGCTATGAGGAAATACCTATGGAAGTGTGTCACACATGG
CACAGGTACCGAACCTATTAGCAGCACACCTACACCTGGAATCAGTCGTGTGGCAGGACC
ACGTTTATATAGTAGAGCACATCAGCAGGTTTCGTGTTAGTAATTTTGATTTTGTAACCTCA
CCCTTCATCATTTGTAACATTTGATAATCCTGCTTTTGAGCCTGTTGATACTACATTAAC
ATATGAAGCTGCTGACATAGCTCCAGATCCGGATTTTCTGGACATTGTTTCGTTTACATAG
GCCTGCCTTAACCTCGCGTAAAGGAACAGTAAGGTTTAGTAGGCTTGGCAAAAAGGCTAC
CATGGTTACCCGGCGTGGCACACAAATTGGAGCGCAAGTACATTATTACCATGACATTAG
TAGTATTGCTCCTGCTGAAAGCATTGAATTACAGCCCCCTAGTTCACGCTGAGCCCTCTGA
TGCTTCAGATGCATTATTTGATATATATGCTGATGTGGACAATAACACATATTTAGATAC
TGCATTTAATAATAAAGGGATTCTGGGCACTACATATAACACAGGCTCACTACCTTCTGT
GGCTTCTTCAGCATCTACTAAATATGCCAATACAACATTTCTTTTAGTACCTCATGGAA
TATGCCTGTAAATACTGGTCTGATATTGCTTTACCAAGTACTACTCCACAGTTGCCATT
GGTGCCCTTCTGGACCAATAGACACAACATATGCAATAACCATTACAGGTTCCAATTATTA
TTTGTGTGCCATTATTGTATTTTTTCTTAAAAAACGTAACGTAATTCCTATTTTTTTTTTC
AGATGGCTATGTGGCGGTCTAGTGACAGCATGGTGTATTTGCCTCCACCTTCTGTGGCGA
AGGTTGTCAATACTGATGATTATGTTACACGCACAGGCATATATTATTATGCTGGCAGCT
CTAGATTATTAACAGTAGGACATCCATATTTTTAAAGTGGGTATGAATGGTGGTCGCAAGC
AGGACATTCCAAAGGTGTCTGCATATCAATATAGGGTATTTTCGCGTGACATTGCCCCGATC
CTAATAAAATTCAGTATTCCAGATGCATCCTTATATAATCCAGAAACACAACGTTTAGTAT

GGGCTTGTGTAGGGGTGGAGGTGGGCAGGGGCCAGCCATTGGGTGTTGGTATTAGTGGAC
ACCCATTATATAATAGACAGGATGATACTGAAAACCTACCATTTTCATCAACCACCAATA
AGGACAGTAGGGATAATGTGTCTGTGGATTATAAACAGACACAGTTGTGCATTATAGGCT
GTGTTCCCGCCATTGGGGAGCACTGGGGTAAGGGAAAGGCATGCAAGCCCAATAATGTAT
CTACGGGGGACTGTCCTCCTTTGGAAGTAGTAAACACCCCTATTGAGGATGGTGATATGA
TTGATACTGGCTATGGAGCTATGGACTTTGGTGCATTGCAGGAAACCAAAAGTGAGGTGC
CTTTAGATATTTGTCAATCCATTTGTAAATATCCTGATTATTTGCAAATGTCTGCAGATG
TGTATGGGGACAGTATGTTCTTCTGTTTACGTAGGGAACAACCTGTTTGCAAGACATTTTT
GGAATCGTGGTGGTATGGTGGGTGACGCCATTCTGCCCCCTCTCCAGCGGTTCATGGTAA
ATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTGTATACTGCCCCCTCTCCAGCGGTTCATGGTAA
CCTCTGATTCCAGTTATTTAATAAGCCTTATTGGCTACATAAGGCCAGGGCCACAACA
ATGGTATATGTTGGCATAATCAATTATTTCTTACTGTTGTGGACACTACCCGTAGTACCA
ACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCCTTCTAAGT
TTAAGGAATATAACCAGGCACGTGGAGGAGTATGATTTACAATTTATATTTCAACTGTGTA
CTGTCACATTAACAACTGATGTTATGTCTTATATTCACACTATGAATTCCTCTATATTGG
ACAATTGGAATTTTGCTGTAGCTCCTCCACCATCTGCCAGTTTGGTAGACACTTACAGAT
ACCTACAGTCTGCAGCCATTACATGTCAAAGGATGCTCCAGCACCTGAAAAGAAAGATC
CATATGACGGTCTAAAGTTTTGGAATGTTGACTTAAGGGAAAAGTTTAGTTTGGAACTTG
ATCAATTCCTTTGGGACGTAAATTTTTGTTGTCAGGCCAGGGTCCGCAGGCGCCCTACTA
TAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACTTCCTCGTCTCAGCTACTAAACACAAAC
GTAACCGTGTGTCTAAATAATGCATGTGTATGCCTTGTTATGTGTGTGTATGTTGTTTGT
TTCCTTATGTGTTGAGTGTATATGTGTATGTTTGTAGGTATGTGTGTATATGTTTTTGT
AATAAAGTATGTATGACAGTTTCATGTGTGATTGCACACCCTGTGACTAACAGTGTATTT
GTTTTACATATAATAGGTCTGCAACATTTTCATACATAATCTATATGCCCTACCCTAAGGT
GTGTTTACTACCTAATATGTAATTTTTTACATTGTTGTATGCGTTTCTACATTTTATACTT
CGCCATTTTGTGGCGACCGAAGTCGGTCTGTTGGTGGAGCATTTTTTTTTAAACTAGTGGAA
ACCACCTTTCTCAGCAAAAACATGTCTTTACCTTAGGTTTACCCTGCATAGTTGGCACTG
GTAACAGTTTACTGGCGCGCCTTATTACTCATCATCCTGTCCAGGTGCACTGCAACAAT
ACTTTGGCAACATCCATATCTCCACCCTATGTAATAAACTGCTTTTAGGCATATATTTT
AGCTGTTTTTACTTGCTTAATTAATAAGTTGGCCTGTATAACTACTTTTTGATTTCAGGAA
TGTGTCTTACAGTATAAGTTATACAAGTGACTAATGTAGCACACAATAGTTTATGCAACC
GAAATAGGTTGGGCATACATACCTATACTTTTA

>gi|6970427|dbj|AB027021.1|_HumanPapillomavirus_type_82_DNA,_complete_genome

ATACTTTACAATTATCTTGTAAGGAGTAGGGTGTAAACCGAAAAGGGTTATGACCGAAAAC
GGTGCATATAAAAGCAAGCACGAAAAATACATAAGAACACCATGTTTGAAGACATAAGAG
AAAGACCACGAACGCTGCACGAATTATGTGAAGCCTGCAATACGTCTATGCACAATATTC
AGGTATTGTGTGTATATTGTAAGGAGGAGTTGTGTAGAGCAGATGTGTATAATGTAGCAT
TTACAGAACTTAGGATTGTATATAGGGACAATACGCCATATGCAGCATGCAAAAAATGCC
TAATGTTTTATTCTAGAATTAGAGAATACAGAAGGTATAGTAGGTCTGTGTATGGTGCTA
CATTAGAGGCCATTACTAACAAAAGTTTATATGAATTATTAATAAGGTGTCATAGATGTC
AGAGACCACTTGGGCCTGAAGAAAAGCAAAAGGTGGTGGACGACAAAAAAGGTTTCATG
AAATAGCGGGACGCTGGACGGGACAGTGTGCAAATTGCAGAAAACCAAGACAACGTA
GTGAAACCCAGGTGTAATAACGCCATGCGTGGTAATGTACCACAATTAAAGGACATAGTG
TTGGAGTTAACACCACAACCTGAAATTGACTTGCAATGCTACGAGCAATTTGACAGCTCA
GACGAGGAGGATGAAGTAGATAATATGCGTGACCAGCCAGCCAGACAAGCTGGACAGGAT
ACGTGTTACAGAATTAAAGTGCCTGTTGCAGGTGTTGAGTGTGTACAGCTCGCAGTG
GAAAGCAGTGGAGACAGCCTTCGCATATTTAGCAAATGTTACTGGGCGACCTAAGCCTG
GTGGTCCCGTGGTGTGCGGCAACTAACATCGGCAATGGACAGTGAAGGTACAGAGGATG
AGGCGGCGGGGTGTACCGGGTGGTTTTATGTGGAGGCAGTAGTTGACAAAAAACGGGAG
ATAATGATATCAGACGATGAGGAGGAAGATACAAATGATACAGGGTCTGATATAATAGATT
TTATAGATACAAGTAATAGTATTTGTAGTCAGGCGGAACGGGAGACAGCACAGGCGTTGT
TGCAGGTCCAAGAAACACAGGCACACAAAAGAGGCTGTGCAGCATCTAAAACGAAAGTTTC
TAGGCAGTCCGCGGAGCAGCCCATTAAGACATTACAAATCAAAACACACAAAGCAATA
GTCAGCAACAACCAAAACAGGCAAACTTCAACACGGTAAAAGGAGATTACTGGACAGTT
ATCCGGACAGTGGATATGGCAATACACAAGTGGAGACTGTGGAAGGACCCTTACAGGTAG

ATGGGCAAAATGACGGGTCACAACATAGTATGTGTAGTGGCGGGGGGAGCAGCGACAGAA
GTACAGAGATAGACCTGGAAACAAACGAAAATGCTACCAATGTAGGACTAAACAGTATAT
GTGCAGTGTTAAAATGTAGCAATGCAAAAGCAATGTTTATGGCAAAATTTAAAGAACTGT
ATGGTGTTAGTTATAATGAGTTGGTAAGGGTATTTAAAAGTGATAAAACATGCTGCACGG
ACTGGGTATGTGCCTTATTTGGGGTATCGCCAATGGTGGCAGAAAATTTAAAAACCCTAA
TTCAGCCATTTTGTATGTACTACCATATACAATGCCTATCATGTGATTGGGGTACTATTG
TGCTACTGTTAGCTAGATTTACATGTGCCAAAAACAGACTTACCATTGCCAAATGTTTAG
GTACATTAGTAAATATTCCACAATCACAAATGTTTATAGAACCACCTAAGCTACGTAGTA
CAGCCGTTGCATTGTACTTTTATAGAACAGGAATATCAAACATTAGTAGCACATATGGCG
AAACACCAGAATGGATTACAAGACAAACACAACCTACAGCACAGTTTTGATGATAGCACGT
TTGAACTATCGCAAATGGTACAATGGGCATTTGACCATGATGTAGTAGACGATAGTGAAA
TAGCATTTTACTATGCACAATTGGCTGATACAGATAGCAATGCAGCAGCGTTTCTAAAAA
GTAATTGCCAAGCAAAGTATGTAAAAGACTGTGGGACTATGACACGGCACTACAAACGAG
CACAAAGAAAAATCACTAACAATGTCAGCATGGATTAGGTATAGATGTGACAAAGTGCAAG
ACGGGGGTAACTGGAGGGAAATAGCTAAATTTTTGCGATACCAGGGTATTAACTTTATGT
ATTTTATACAAACATTTAAATTGTTTTTAAAAGGAACACCAAAACACAACCTGCATAGTAA
TACAGGGCCCAACAAACACAGGGAAATCACAAATTTGCAATGAGTTAATTAGATTTTTGC
AAGGGTGCGTTATTTTCATATGTAAATTCAGGTAGTCATTTTTTGGTTACAGCCACTAGAGG
ATGCCAAGGTAGCATTTATAGATGATGCCACATATGGCTGTTGGACATATATAGACCAGT
ACCTAAGAAATTTCTTAAATGGTAATCCATCTAGTATTGATAGGAAACACAGAAGCCTGC
TGCAAATGTATGCCCACCATTGCTTATTACCTCAAATATCAATCCAAAAGAAGATCCAA
ATTTAATGTATTTACATAGTAGAGTGACAGTATTTCAATTTTTTAAATGCATTTCCATTTG
ACCCCCATGGGAATCCTGTATATGCACTAAATGATGTAAACTGGAAAAATTTTTTTTCCA
CCACCTGGTCCAGATTAGATTTGGAGGAGGAAGAGGACAAAGAAAATGGAGACCCTATGT
CATCGTTTAAATGTGTGCCAGGAGAAAAATACTAGACTGTTATGAACTGGACAGTGATAAA
TTAGTAGATCAAATTAATTATTGGACGTTGGTACGATATGAATGTGCTATGTTTTATACT
GCACGAGAAAAGAAACATGCAACCCCTTAACCATCAAGTAGTACCAGCATCGGCAGTATCA
AAACAAAAGGCCTGCCAAGCCATTGAAATGCATATGGCATTAGAATCGCTAAACAAATCT
GAATATAATATGGAACCATGGACAATGCGGGACACATGCTATGAACTATGGGGCGAGGCC
CCTAAACATTGTTTTCAAAAAGGGGGAAAAACTGTAACAGTGATGTTTGATGGGAATAAG
GACAATACAATGGACTATACATGTTGGACATATGTGTATATATATAAAGAGGATAGATGG
GTAAAAACACAGGGAAACGTGGACTATACAGGTATTTATTACAAACCAGATGTAAACAAA
GAATATTATGTAACATTTAAAGATGAAGCAAAAAAATATGGGGCACAACAATGGGAGGTA
TATATGTGTGGCAATGTAATAACATGTCCTGAATATGTATCTAGTACCTACAGCACCCCG
TCACCCCTCTACTACAACCTGTTGAACAGCTATCGAACACCCCCACGACCAATACCTATTCC
GCCTCCGCGGGCACCACAGAAGCCCAGACACCACAACAACGAAAACGACAGCGACTTGCT
GAGCCCGACTCCTCCACAGTCACCCCGCTGTCCGTGGACACCTGCGACCACCAAATACAC
TGTGGAACCTGCAGGCCCAAACACCCGGAGGGCACCTCAGTGCAACTAAAACTGCGTTTATA
GTTTCATTTAAAAGGTGCAACAAATTGTTTAAAATGTTTAAAGATACAGATTTGCAAAACAT
AGAAATTTGTTTAAAGAAGTGTCTATCTACCTGGCATTTGGACCAGTAATACAAAAGCAGGC
ATTGTTACAATTACATTTGACAGTGCACACCAACGTCAAAGTTTATTGATACTGTTAAA
GTACCATCAAGTGTGACAGTGTCAATTGGGTATTATGACAGTGTAATATATGTATTGTAC
ATATATAGGTTTACAAGCCAATATGTGCTGCTAAGTGTATATAGTTACTCGCAACCATTG
CGGTGTTTTTGGTGTGTTTATTTGTGCTTTGCGTGTGTGTGTGCTTGTGTTGTGTTGTT
TTTGGTTTGTGGTTGCCACATCACCTTTAACTACATTTACTGTATACTTGATTTGTTTTT
ATATTCCATGCTTTTTTATTACATTTATATACCTTTTTCTATTTTGCAACTTACACAATAAA
ACTTTGTATGTTTTTGTATTATATACAATGGTGGCTGCACGTGCACGGCGGCGTAAGCGA
GCATCTGTAAACACAATTATATCCACATGCAAAGCTGCTGGTACATGTCTCCTCCTGATGTT
ATTCTTAAGGTAAAGGGTACTATTAGCTGATAAAATATTACAATGGAGTGGTTTGGGT
ATATTTTTTGGGGGTTTGGGTATTGGCACC GGCTGGCACTGGGGGCAGAACTGGGTAC
ATTCTTTTAGTGGTGGTGGACGGCCTGGTGTTGTAGATATTGCTCCGGCCAGGCCTCCA
ATTATTATTGAACCTGTAGCCCCTACTGAACCTTCTATTGTTAACCTTGTTGAGGATTCT
AGTATTATTAAATTCAGGCTCTACTATACCTACCTTTACTGGTACTGATGGCTTTGAAATT
ACTTCCTCTTCTACAACAACCTCCTGCGGTTTTAGACATTACACCTTCCGCTGGTACAGTA

CATGTTTACAAGCACTAACATTGAAAATCCCTTATATATTGAAACCTCCATTTATTGAGGCC
CCACAATCAGGTGAGGTATCTGGACATATATTTACCAGTACCCCTACGTCTGGCACCCAT
GGATATGAGGAAATACCTATGGAGGTATTTGCCTCCAATGTTACTACTGGTAAGGAACCC
ATTAGCAGTACACCCACCCCTGGGGTGCGCCGCATTGCTGCACCTCGTTTATATAGCAGG
GCATTTTTCACAGGTTAAGGTTACTAATCCAGACTTTATTAGTAAGCCCTCTACATTTGTT
ACTTTTGGATAATCCTGCTTTTGAACCTGCTGATACATCATTGTCCTTTGGAGGAACCTACT
GATGTTGCACCAGATCCTGATTTTTTTAGATATTATTAAACTGCACCGCCCTGCGCTGACA
TCTCGCAGAGGTACAGTGCGGTTTTAGTAGATTGGGTCAAAAGGCCACCATACGCACACGT
AGTGGCAAACAAATAGGTGCTCGTGGACATTATTATCATGATATAAGTAGTATTGCACCT
GCTGAGGAACTTGAATGCAGCCTTTACTTTCCCTTCTACTAATAATTATAGTTATGA
ATTTATGCTGATTTAAATGAAGCTGAAACAGGTTTTATGCAGCCTACACAAACCACACCT
ATGCTTTCGCTTCTCCATTTTCTCCTTTGTCTACACAACCTACCTTATTGTCTTCCCTCTGTT
TCTTCTCCTTCTGCTAATGTTACTACTCCCTTTTCTTACCACATATAATGTTTCCCTATT
ACGGGTCTGTATGTTGTGTTTACCTACTTCAACCCACTGTGTGGCCCTTTATTCCACACACA
TCTATTGACACACAACATGCTATTGTTTATACAAGGTGGGGATTACTACTTTGTGGCCGTA
TACATATTTGTTTACGCAAACGCCGTAAACGTATACCCCTATTTTTTTTTGCGAGATGGCTTTGT
GGCGTACTAATGACAGCAAAGTGATTTTACCACCTGCACCAGTGTCACGCATTGTCAACA
CAGAAGAATATATAAACCCGCACCGGCATATATTATTATGCAGGCAGTTCCAGACTTATTA
CCTTAGGACATCCATATTTTTCAATACCCAAAACCAATACACGTGCTGAAATACCTAAGG
TATCTGCCTTTTCAGTATAGGGTGTTTAGGGTACAGTTACCTGACCCCAACAAATTTGGTC
TTCCTGATCCTAATTTGTTTAAATCCAGACACAGATCGTTTGGTGTGGGGATGTGTTGGTG
TTGAAGTAGGTAGGGGTCAGCCGTTAGGTGTTGGCCTTAGTGGTCATCCTTTATTTAATA
AGTATGATGATACTGAAAACCTCTAGGTTTGCCAAATGGCAACGACCAACAGGATGTTAGGG
ACAACATATCTGTGGACAACAACAACTCAGTTATGCATTATAGGCTGCGCTCCTCCTA
TTGGGGAAACACTGGGGCCACAGGTACCACATGTAAAAACGTACCTGTACCTCAGGGTGACT
GTCCACCTTTTGAACCTTGTGTCTACTGTCTATTGAGGATGGCGATATGGTGGACACTGGTT
TTGGGGCCCATGGATTTTGTCTAATTTACAAGCTACTAAATCAGATGTTCCATTGGATATTG
CTCAGTCTGTGTGTAAATACCCGTATTACTTAAAAATGTCAGCAGATACATATGGCAATT
CTATGTTTTTTTCATTTACGCAGGGAGCAAATATTTGCTAGGCATTACTATAATAAGGCTG
GTGTGGTTGGTGATGCCATTCAGACAAGGCTTATATTAAGGGTACTGGTGTCTGGCCGCG
ACCTATTAGTAGTTATATTTATTCAGCTACTCCAGTGTTCTATGATAACCTCTGATT
CTCAGATTTTTTAATAAGCCTTATTGGTTGCTATGCTGCGCCAGGGCCACAATAATGGCAATT
GCTGGAATAATACGCTTTTATTACTTGTGTGTGTGACACTACTAAAAGTACCAATTAACCA
TTAGCACTGCTGTTTACTCTTCTGTTGTCACAAACATTTACTCCAGCAAACCTTTAAGCAGT
ACATTAGGCATGGGGAAGAATATGAATTGCAATTTATATTTCAATTGTGTAAAAATCACTT
TAACTACTGAAATTATGGCTTACCTGCACACCATGGATTCTACAATTTTGAACAGTGGA
ATTTTGGATTAAACATTGCCCCCCCTCCGCTAGTTTGGAGGATGCCTATCGATTTGTAAAAA
ATGCAGCAACATCCTGTCACAAGGACAGTCCTCCACAGGCTAAAGAAGACCCCTTTGGCAA
AATATAAATTTTGAATGTAGACCTTAAGGAACGCTTTTCTTTGGATTTGGATCAGTTTG
CATTGGGTGCGAAGTTTTTTATTACAAATCGGTGCCCAACGCAAACCCAGACCAGGCCCTTA
AAAGGCCTGCCCATCCTCTTCCGCTTCTCGTCTGCCAAACGTAAAAGGGTTAAAAAAT
AGGTTTCGCCCTGCCTATGTATGTGTTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
GTGTGTATTTGTGTGTGTATGTTTTATGTATATTTTTCTGTATGTTTTGCTGTATGTTTTT
TGTGTGGTTTTACTAATAAAGTATGTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
CATGACTGCATATGTATGACATAAAAAAGTGTTTTGTAATAATTACATTATCCCTGTAGGT
TAAGGGTGGTGTTTTAGGTGGCGTCCCTATTGCCCTACCCATATTTGTGGCTTGCAGCACA
CTTGTATATATATGTTCTTGCTGTATTGCATGTACCACAGGATTCCATTTTGTTTTTTCC
TGCAGCCATTTTGTGGCGACCGATTTTCGGTTGCTTAAAAATGACTACATTTGCCAACTTT
TGAACCACACTACCTATGTTTTTTTGGCATAACCCCTTAATTCTTTTGGCATGGTATGTACA
TCCC GCCCGCCACGCTTGTTCCTGGCGCGCCTTCTTGGCGCATGTCTATACACACCACA
TTACTCATTTGTACTTAAACAATTGTTGGCACAATATTTTTCCGCCCTGTAATAATTTAT
ATGCTTATAGGCATGATTTTTTTGGCTTATTTTGCCTTTATTAATTGCATACTTGGCAGG
TCATGAATAAAATGTCTCTGCCAAGTTTCTATCCTACCTATAAAAATGATTACTCATCTG
CAGGTGTGCTACACAACCTGTGTTACCCAACCGATTTGTGTTTTTGCCTATGCTTGCAACAT
TTTTTCTTATA

>gi|333087|gb|M62877.1|PPHDNA_Human_papilloma_virus_type_51_genomic_DNA,_partial
_sequence

AACAATTATCTTGTAAAAACTAGGGTGTAAACGAAAAGGGTTATGACCGAAAACGGTGCA
TATAAAAGTGCAAGTGGTAAAAGTATAGAAGAACACCATGTTCTGAAGACAAGAGGGAAAGA
CCACGAACGCTGCATGAATTATGTGAAGCTTTGAACGTTTCTATGCACAATATACAGGTA
GTGTGTGTGTATTGTAAAAAGGAATTATGTAGAGCAGATGTATATAATGTAGCATTTACT
GAAATTAAGATTGTATATAGGGATAATAATCCATATGCAGTATGCAAACAATGTTTACTG
TTTTATTCAAAAATTAGAGAGTATAGACGTTATAGCAGGTCTGTGTATGGTACTACATTA
GAGGCAATTACTAAAAAAGCTTATATGATTTATCGATAAGGTGTCATAGATGTCAAAGA
CCACTTGGGCGCTGAAGAAAAGCAAAAATTGGTGGACGAAAAAAAAAAGGTTCCATGAAATA
GCGGGACGTTGGACGGGGCAATGCGCTAATTGCTGGCAACGTACACGACAACGTAACGAA
ACCCAAGTGAATAAAGCCATGCGTGGTAATGTACCACAATTAAAAGATGTAGTATTGCA
TTTAACACCACAGACTGAAATTGACTTGCAATGCTACGAGCAATTTGACAGCTCAGAGGA
GGAGGATGAAGTAGATAATATGCGTGACCAGCTACCAGAAAGACGGGCTGGACAGGCTAC
GTGTTACAGAATTGAAGCTCCGTGTTGCAGGTGTTCAAGTGTAGTACAACCTGGCAGTGGA
AAGCAGTGGAGACACCCTTCGCGTTGTACAGCAGATGTTAATGGGCGAACTAAGCCTGGT
TTGCCCCGTGTGTGCGAACAACCTAGCAACGGCGATGGACTGTGAAGGTACAGAGGATGAG
GGGGCGGGGTGTAATGGGTGGTTTTTTTGTGTAAGCAATAGTAGAAAAAAAAAACAGGAGAT
AATGTTTTCGGATGATGAGGATGAAAAATGCAGATGATACAGGATCTGATTTAATAAACTTT
ATAGTTAGTGAACCTAGTATTTGCAGTCAGGCGGAACAGGAGACAGCACGGGCGTTGTTT
CAGGCCCCAAGAATTACAGGCAAAACAAAGAGGCTGTGCATCAGTTAAAACGAAAGTTTCTA
GTCAGCCCCGGAAGCAGGCCATTAGGAGACATTACAAATCAAAACAACACACAGCCAT
AGTCAGGCAAAACGAGTCACAAGTTAAAAAGGAGATTACTGGACAGTTATCCGGACAGCGGA
TATGGCAATACACAAGTGGAACCTGTGGAAGCAACGTTGCAGGTAGATGGGCAACATGGC
GGTTCACAGAACAGTGTGTGTAGTAGCGGGGGGGCAGTGTTATGGATGTGGAAACAACA
GAAAGCTGTGCAATGTAGAATAAACAGTATATGTGAAGTATTAAGGAGCAGTAATGCA
AAAGCAACGTTAATGGCAAAATTTAAAGAGTTGTATGGTATTAGTTATAATGAGTTGGTA
CGGGTGTTTAAAGTGATAAACATGTTGTATAGATTGGGTTTGTGCATGTTTGGCGTT
TCCCCAATGGTAGCAGAAAATTTAAAAACACTAATTAAGCCATTTTGCATGTACTACCAT
ATACAATGTTTATCATGTGATTGGGGCACCATTGTATTAATGCTAATTAGGTTTTTCATGT
GCAAAAAACAGAACAACAATTGCTAAGTGTTTAAAGTACATTAGTAAATATCCCACAATCA
CAAATGTTTATAGAACCACCAAAATTACGTAGTACACCTGTGGCATTATATTTTTATAGA
ACAGGCATATCAAACATTAGCAATACATATGGAGAGACACCTGAATGGATTACACGACAA
ACGCAACTACAACATAGTTTTGAGGATAGTACCTTTGAATTATCACAATGGTGCAATGG
GCATTTGACCATGAAGTATTAGATGATAGTGAATAGCATTTTCATTATGCACAATTAGCA
GATATAGATAGTAATGCTGCAGCGTTTTTAAAGAGTAATTGCCAAGCAAAATATGTAAAA
GATTGTGGGACCATGGCACGGCATTACAAACGAGCACAAAGAAAATCATTATCTATGTCA
GCCTGGATAAGGTATAGATGTGATAGAGCAAAGGATGGAGGCAACTGGAGAGAAATTGCT
AAATTTTTTAAGATATCAAGGTGTAAACTTTTATGTCCTTTATTCAAATGTTTAAACAGTTT
TTAAAAGGAACACCAAAACACAATTGCATAGTCATATATGGCCCAACAAACACAGGCAAG
TCATTATTTGCAATGAGCCTAATGAAGTTTATGCAAGGTCCATTATTTTCATATGTAAAC
TCTGGTAGTCATTTTTGGTTACAGCCACTAGAGGATGCTAAAATAGCATTTGTTAGATGAT
GCTACGTATGGGTGTTGGACATATATTGATCAGTATTTAAGAACTTTTTAGATGGTAAT
CCATGTAGTATAGATAGAAAACATAGGAGTTTAAATACAATTAGTATGTCCACCATTACTA
ATAACGTCAAACATAAATCCACAAGAGGATGCAAACCTAATGTATTTACATACAAGGGTA
ACAGTATTAAAGTTTTTAAATACATTTCCATTTGATAACAATGGGAATGCTGTGTATACA
TTGAATGATGAAAATTGGAAAAATTTTTTTTCCACCACATGGTCCAGATTAGATTTGGAG
GAGGAAGAGGACAAAGAAAATGGAGACCCCTATGCCACCGTTTAAATGTGTGCCAGGAGAA
AATACTAGACTGTTATGAACCTGGACAGTGATAAATTAGTAGATCAAATTAACCTATTGGAC
ATTGTTACGATGATGAAGCTGCTATGTTTTATGCAGCACGGGAAAGAACTTACGAACAAT
CAATCACCAGTAGTACCAGCAACAACAGTATCAAAACAAAAGGCCTGTCAAGCAATTGA
AATGCACATGGCCTTACAATCGCTTAAACAAATCAGACTATAACATGGAACCATGGACAAT
GCGGGAGACATGTTATGAACCTATGGTGTGTGGCTCCCAAGCAATGTTTCAAAAAGGGGGG
CATAACTGTAACAGTTATATTTGATGGAAAATAAGGACAATGCAATGGACTATACAAGCTG
GAAATTTATATATATATATGATAATGATAAGTGGGTAAAGACAAATGGAAATGTGGACTA

TACGGGTATATATTACACTGTAAATTCAAAAAAGAATATTATGTACAGTTTAAAGATGA
AGCCAAAATATATGGGGCACAACAGTGGGAGGTCTATATGTATGGTACTGTAATAACATG
TCCTGAATATGTATCTAGTACCTGCAGCGACGCGTTATCCACTACTACAACGTTTGAACA
ACTATCAAAACCCCCAACGACCAATCCCCCTTACCACCTGCGTGGGCGCCAAAGAAGCCCA
GACACAACAGCGAAAACGACAGCGACTTACTGAGCCCGACTCCTCCACAATCTCCCCACT
GTCCGTGGACAATACAAACAACCAAATACACTGTGGAAGTGGAAGCACTAACACTGGAGG
GCACCAAAGTGCAACTCAGACTGCGTTTATAGTGCATTTAAAAGGTGATACAAATTGTTT
AAAATGTTTTAGATACAGATTTACAAAACACAAAGGGTTATATAAAAAACGTATCCTCAAC
CTGGCATTGGACCAGTAATACTAAAAACAGGCATTGTTACCATTGTGTTTTGACAGTGCACA
TCAACGGGAAAACATTTATAAAAAACCATTAAGTACCCCCAAGTGTAACACTGTCATTGGG
AATTATGACACTGTAAGTGTATATATGTATTGTACATATATACTGTCACAAGCCAA
TATGTGCTGCTAATTGTATAGACATATTGTAACCATTCAGTGTATTATTATTTTGCTATT
TGTGCTTTGCTTGTGTGTGTGTCTTGTGTTGTGTTGTTTGTGCGCTACTGCTGTCCCA
ATACGTGTTGCGAGTGCCTTATTATTAATTTTATGTTTTTGGTTTGTGTTGCAACATC
CCAATTAACACATTTTTTGTATATTTGATTTTTTTTTTACTTACCTTGTTTACTTTTACA
TCTATATACATTTTTTACTTTTGAATAAACTTGTTATATTTTTTGTGATTAAATATGGTGG
CTACACGTGCACGGCGTCGGAAGCGAGCATCTGTAACACAATTATATTCTACATGCAAAG
CTGCTGGTACATGTCCTCCTGATGTTGTGAATAAGGTTGAAGGTACTACATTGGCCGATA
AAATATTACAGTGGAGTGGGTGGGTATATTTTTTGGGTGGCCTAGGTATTGGTACTGGGT
CTGGATCTGGGGGCGTACTGGATATATCCCTTTAGGTGGTGGGGGTGCGCCAGGCGTGG
TGGATATTGCTCCTGCAAGGCCACCTATTATAATTGACCTATGGCACCATACTGAACCTT
CTATAGTAAATTTGGTTGAGGACTCTAGTATTATTCAGTCTGGGTCTCCTATACCTACCT
TTACTGGTACCGATGGCTTTGAAATTACTTCATCTTCCACAACAACCCCTGCTGTGTTGG
ACATCACCCCATCTGCTGGTACTGTACATGTTTCTAGTACTAACATTGAAAATCCTTTAT
ATATTGAACCTCCATCCATTGAGGCTCCACAATCTGGAGAAGTGTCAGATATATATTTAC
TAGTACACTACTCTGGTACTCATGGGTATGAAGAAATACCTATGGAAGTGTTTGCATCCA
ATGTCAGTACTGGTACTGAACCTATTAGCAGCACACCTACTCCAGGGGTAGTCGCATAG
CTGCTCCCCGCTTGTATAGTAAGTCTACACACAGGTTAAAGTTACAAATCCTGATTTTA
TTAGTAAGCCATCCACATTTGTTACATTTAATAATCCTGCTTTTGAGCCTATTGACACAT
CCATAACTTTTGAGGAACCTGATGCTGTTGCACCTGATCCTGATTTTCTGGATATTATTA
CACTGCACCGCCCTGCCCTTACATCTCGTAGAGGCACAGTACGCTTTAGTAGGTTAGGTC
AAAAGGCCACCATGCGCACTCGTAGTGGCAAACAAATTGGTGCTCGTGACATTATTATC
ATGATATTAGTAGAATTGCACCAGCTGATGAACTTGAAATGCAGCCTTTACTTTCACCTT
CTAATAATTATAGTTATGACATTTATGCTGATTTAGATGAAGCTGAAACAGGTTTTTATAC
AGCCACACACACCACACCTATGTCACACTCCTCTTTGTCTAGGCAGTTGCCCTCCTTAT
CTTCATCTATGTCTTCATCTTATGCAAATGTTACTATTCCATTTTCAACTACATATTCTG
TTCCTATTACATACAGGGCCTGATGTGGTATTGCCACATCTCCTACAGTATGGCCTTATG
TTCCCCACACTTCCATTGACACCAAGCATTTCTATTGTTATACTAGGTGGGGATTACTATT
TGTGGCCCTATACACATTTACTACGCAAACGCCGTAAACGTATAACCTATTTTTTTTACAG
ATGGCATTGTGGCGCACTAATGACAGCAAGGTGTATTTGCCACCTGCACCTGTGTCTCGA
ATTGTGAATACAGAAGAATATATCACACGCACCGGCATATATTACTATGCAGGCAGTTCC
AGACTAATAACATTAGGACATCCCTATTTTCCAATACCTAAAACCTCAACGCGTGCTGCT
ATTCTAAAGTATCTGCATTTCAATACAGGGTATTTAGGGTACAGTTACCAGATCCTAAC
AAGTTTGGACTCCCGGATCCAAATTTATATAATCCAGACACAGATAGGTGGTGTGGGGT
TGTGTGGGCGTTGAGGTGGGCAGAGGACAGCCCCCTGGTGTTGGCCTTAGTGGTCATCCC
TTATTTAATAAATATGATGACACAGAAAATTCACGCATAGCAAATGGCAATGCACAACAA
GATGTTAGAGATAACACATCTGTTGACAACAAACAGACTCAGTTATGTATAATAGGCTGT
GCTCCACCTATTGGGGAACACTGGGGTATTGGCACTACATGCAAAAACACACCTGTACCT
CCAGGAGACTGCCCCCCCTGGAACCTGTATCCCTCTGTCAATTCAGGATGGCGATATGATT
GATACAGGGTTTGGAGCTATGGATTTTCGCTGCCCTACAGGCCACCAATCAGACGTCCCT
TTGGATATTTACAGTCTGTTTGTAAATATCCTGATTATTTAAAATGTCTGCAGACACA
TATGGTAATTCATGTTTTTTTCAATTTACGCAGGGAGCAAATCTTTGCTAGGCACATTAT
AATAAACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATTATTATATTAAGGGTAGTGGT
AATGGCCGTGACCCTATAGAAAGTTATATATACTCTGCTACTCCCAGTGGGTCTATGATA
ACATCTGATTCTCAAATTTTTTAATAAGCCTTATTGGCTCCACCGTGCGCAGGGTCACAAT

AATGGCATTGCTGGAACAATCAGCTTTTTATTACCTGTGTTGATACTACCAGAAGTACA
AATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTAACTTT
AAGCAATATATTAGGCATGGGGAAGAGTATGAATTGCAATTTATTTTCAATTATGTAAA
ATTACTTTAACTACAGAGGTAATGGCTTATTTACACACAATGGATCCTACCATTCTTGAA
CAGTGGAATTTTGGATTAACATTACCTCCGTCCTGCTAGTTTGGAGGATGCATATAGGTTT
GTTAGAAATGCAGCTACTAGCTGTCAAAAGGACACCCCTCCACAGGCTAAGCCAGATCCT
TTGGCCAAATATAAATTTTGGGATGTTGATTTAAAGGAACGATTTTCTTTAGATTTAGAC
CAATTTGCATTGGGTCGCAAGTTTTTGTGTCAGGTTGGCGTACAACGCAAGCCCAGACCA
GGCCTTAAACGCCCGGCCCTCATCGGCATCCTCCTTCCTCCTCCTCAGCCAAACGTAAA
CGTGTTAAAAAGTAATGTATGTTAGTTTTTGTATGCTTGTGCACACTGTTGTATGCCTGT
ATGTATATGTTTGTGTATGTACTGTATGTGTTTTTGTGTGTGTGTGTGTGTTGTTGTTCTGT
TATGTATGAGTTATGTATGTTTATTATTAATAAACTATGTGGTGTGTGTGTGTGTGTTTT
TGCATGACTGCATTTGTATGACATGTACGGGTGTATGTGGGTATTACATTATCCCCGTAG
GTCAAGGGTGGTGTTTCGGTGGCGTCCCTATTGCCCTACCCATTTTTTGCAGCACAACAG
TTTATATTTGTGCTATTTAGTTATACTTTGTAGCTTCCATTTTGTACAGCTGCAGCCAT
TTTGAGTGCAACCGATTTTCGGTTCGTGTACTTTTAGTATATTTGCCAAGTTTTAAACCAC
AACTGCCAGTTGTTTTTGGCATAAACCATCATTTTTTTATGACATAGTGCATACATCCGC
CCGCCCACGCCTTGTACTTTGGCGCGCCTTACCGGCGCTAGTCATAACAACCTATTAGTCAT
TTGTACTTTAACAATTTGTGGCACACTGTTTCCGCCCTATAATAATTTAACTGCTTATA
GGCATGTATTTTTTGGCATATTTTATCTTACTAATTGCATAGTTGGCAGGTCAAATACTA
TGTTTTTTAGTGCCAAAGTTTCTATCTACTTATAAACCATCTTACTCATATGCAGGTGTGC
TACACAAATGTGTTACCTAACCGATTTGTGTTCTGCCTATGCTTGCAACATTTTTTCTTA
TAACATTT

>gi|333062|gb|M32305.1|PPH47CG_Human_papillomavirus_type_47_(HPV-47)_+-
sense_strand

AACGGTAAAGTTTGCATTAATGTACCAGGTGCGGTACAGATCATTTTACAATGGATATTAT
TGTTGCCAACTACCATAGTCATAATCAAGTTCTTGCCTGTATCGTTTTCGTACCTTACCT
ACAGTATTTTATATTAATATATAAATAAATAAATATATAAATGTGTATTTATTTCTCAGG
CTCAGTTCTTTGCAATTATTAAGACAAATGGCTCAGAAGGCTTTGGAACAGACTACAGTT
AAAGAGGAAAAGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCTTAGCTCAATTGTTAGACATA
CCTTTAGTAGATTGTTTGCTACCTTGCAACTTTTGTGGCAGATTTCTTGACTATTTAGAA
GTTTGTGAATTTGATTATAAAAAGCTTACTTTAATTTGGAAAGACTACAGTGTATGCTTATGCC
TGCTGCCGTTTGTGCTGCTCAGCAACTGCCACATATGAATTTAATGTTTTTTATCAACAA
ACAGTGTTAGGTAGAGATATTGAGCTAGCTACAGGCCTTTCCATTTTTGAGATTGACATA
AGGTGTCATACCTGCCTGTCATTTCTTGACATTATTGAAAAGTTAGATAGCTGTGGAAGA
GGACTTCCCTTTTACAAAGTAAGAAACGCCGGAAGGGTGTGTTGTAGGCAGTGTAAGCAT
TTTTACAATGATTGGTAAAGAGGTACCCGTGCGAGATATTGTTCTGGAGTTAAGTGAGGT
TCAACCTGAAGTATTACCAGTTGACCTGTTTTGCGACGAGGAATTACCAAAATGAACAACA
GGCGGAGGAGGAGCTAGACATCGACAGAGTCGTTTTCAAAGTGATTGCACCCGTGCGGTTG
CAGCTGCTGCGAGGTCAAGCTTCGCATTTTTGTGAACGCAACAAACCGTGGCATCAGGAC
ATTTACAGGAACTTTGGACTGGTGATCTGCAGCTCCTCTGCCCAGAGTGCCGTGGGAACCTG
CAAACATGGCGGATTCTAAAGGTAGTACATCTAAAGAAGGGTTTGGTGATTGGTGTATTT
TGGAAGCTGACTGTAGTGATGTTGAGGATGATTTGGGACAATTATTTGAGAGAGATACAG
ACTCAGATATCTCGGACCTGTTAGACAATTGTGACCTGGATCAGGGCAATTCACGGGAAC
TATTTTCATCAACAGGAGTGTAAGCAAAGCGAGGAGCAATTACAAAACTAAAACGAAAGT
ATCTTAGTCCAAAAGCTGTCGCGCAGCTTAGTCCGCGTCTTGAGTCAATTTCAATTGTCAC
CTCAGCAGAAATCCAAGAGAAGGCTCTTTCGAGAGCAAGACAGCGGACTCGAGTTAACCT
TTAACAATGAAGCTGAAGATGTTACTCCTGAGGTGGAGGTACCGGCTATAGACTCTCGGC
CGGATGATGATGAGGAGGATCAGGGGATCTAGATATTATTATACAGCATGTTGCGGTT
CCAGCAACAAAAAGGCCACATTACTGGCAAAATTCAAACAAGCGTTTGGGGTAGGCTTTA
ATGAATTGACAAGACAATTCAAAGCTACAAAACCTGCTGTAATCATTGGGTGTATCCG
TATATGCAGTCCATGATGATCTATTTGAAAAGCTCAAAGCAGCTGTTGCAACAGCATTGTG
ACTATATATGGGTCCGTGGGATAGATGCAATGTCTATTATCTATTGTGTTTTAAGGCGG
GAAAAAATCGTGGGACAGTTTATAAGCTAATTACCACAATGTTAAATGTGCATGAGCAAC
AGATATTGTCTGAGCCTCCAAAGTTAAGAAATACAGCTGCTGCATTATTTTGGTACAAAG

GATGTATGGGACCTGGAGTGTTACCCACGGTCCTTACCCTGAATGGATTGCACAATTAA
CCATTTTGGGCCATAAGAGTGCTGAGGCAAGTGCCTTTGATCTGTCAGTCATGGTTCAAT
GGGCATTTGATAACAATCTGTTTGAGGAGGCAGACATTGCATACGGATATGCAAGACTGG
CACCAGAGGATAGCAATGCAGTTGCATGGCTTGCACATAATAACCAAGCTAAATATGTTA
GAGAATGTGCTATGATGGTTCGATACTACAAAAAGGGGCAAATGAGAGATATGAGCATGT
CTGAGTGGATATATACAAGGATACATGAAGTAGAGGGAGAAGGACAGTGGTCTAGCATTG
TTAAATTTTAAAGATATCAAGAAATAAATTTTATTTTCATTTTTGGCTGCTTTAAAAGATT
TATTACATTCAGTACCTAAACGCAATTGTATTTTATTTCCATGGCCCTCCAAATACAGGAA
AGTCATCGTTTTGGAATGTCTTAATAAAAAGTTCTAAGGGGGAGAGTATTATCATTGTAA
ACTCCAAAAGTCAGTTTTGGTTGCAGCCTCTTGGAGAATGTAAAATAGCATTATTAGATG
ATGTTACAGATCCATGTTGGGTGTATATGGATCAATATTTAAGAAATGGGTTAGATGGGC
ATTTTGTGTCTTTGGATTGTAAATATAGAGCACCATGCAAACAAAGTTTCCACCTTTAA
TACTTACATCTAATATTAATGTACATGCAGAGACCAATTATAGATACCTACATAGTAGAA
TTAAGGGTTTGAATTTAAAAATCCATTTCCATGAAAGCAGATAATACACCTCAATTTG
AGTTAACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTACAAGGCTTTGGACACACTTAGACCTGA
GTGACCAAGAAGACGAGGGCGAACATGGAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGCTCTGCAA
GAACAGCTAATGAACATTTATGAAGCTGCAGAACAGACATTAAAGGCACAAATTTTACAT
TGGCAGACATTGCGAAAAGAAGCTGTGACACTCTACTTTGCTAGGCAGAAAGGCATAAAT
AGGTTGGGATACCAACAGTGCCTGCATTAGCAATATCTGAGGCAAGGGCCAAAGAGGCT
ATATATATGGTGTTGCGAGTTAGAGTCGCTACAAAAATCAGCGTTTGCTTTGGAGCCTTGG
ACCTTAGTGGACACTAGTACAGAGACTTTTAAAGAGTGCTCCAGAAAATCATTTTAAAAAG
GGGCCTGTACCTGTGGAGGTGATATATGACAAAGATGAAGCAAATGCTAATTTGTATACT
ATGTGGACATTTGTGTATTACATGGATTTCAGATGATGTGTGGCATAAGACAACAAGTGGG
GTCAATCAAACCTGGCATTTACTACCTATATGGAACATTTAAACACTATTATGTGTTATTT
GCTGATGATGCAAAGAGATATAGTGCTACTGGAGAATGGGAAGTTAAAGTTAATAAGGAA
ACTGTGTTTACTCCTGTCACTAGCTCCACACCACCAGGGTCACCAGGAGGACAAACAGAC
CCAGACACCTCCTCCAAGACCCCCACCACCACCACAGCCGCCACTGACACCTCGCCCAGA
CGCCAATCCATCAATAAACAGTCAACAACAAACCGAAACCAAACGAAGAGGGTACGGACGG
AGACCATCAAGCAGAACAAGGCGACCGCAAACGCACCAAAGGCGATCCAGATCCAGATCC
CGGTGCGGGTCCAGTTCTCAAACCCACTCTTCCACCACCACCACCACCACCTACAGG
TCCAGGTCTACGTCGCTCAACAAGACTCGTGCTCGTTCCAGGTCAAGGTCCACCTCCAGA
TCTACCAGCACCACCAGTAGAAGGGGAGGTAGAGGGTCATCCACAAGGCAAAGATCGCGA
TCACCCTCCACCTACACCTCAAAACGGTCACGGGAAGGAAACACAAGGGGCAGAGGGAGG
GGGAGACAAGGGAGAGCAGGGAGCAGTGGGGGGAGAGAGCAGCGACGGAGAAGGAGATCA
TTCTCAACCTCCCCTGACTCCTCCAAACGAGTCAGACGGGAGTCTCCTAAATACCGTGGC
GTGTCTCCTAGCGAGGTGGGAAAGCAACTTCGATCAGTTGGTGCAAAACATTCAGGGCGA
CTTGGAAGGTATTGGAGGAAGCTAGGGACCCCCAGTAATTTCTGTGCGAGGGGACGCA
AACACATTTAAATGCTTTTCGCAACAGAGCAAGGAACAAATATAGAGGGCTTTTTTAGATCA
TTCAGCACTACATTTTCTGGGTAGCTGGAGATAGCATTGAGCGTCTAGGCAGGTCCAGA
ATGCTCATTAGCTTTTCTGCCTCACTCAGAGAAGGGATTTTGATGATGCTGTCAAATAT
CCAAAAGGAGTCGAGTGGTCATATGGTAGTCTTGATAGCCTTTAACAAGCATTAACGCTG
CTTTGCTACTAACTGCTATTAACAACCACAGCTTTTTTTTTTACGTTTTTTTATTTTACTG
ATTTTGTACTGCAATGGCGCGTGCTAGAAGGGTCAAACGTGACTCTGTAAACATATATA
TCAGACCTGCAAACAGGCAGGCACTTGCCCCCTCGGACGTTGTTAATAAAGTTGAGCAAAC
AACAGTTGCTGACAATATTTTGAATATGGCAGTGCTGGTGTCTTTTTTGGAGGCCTTGG
CATAGGAACAGGCCGAGGGACTGGGGGTGCTACTGGGTACGTGCCACTTGGGGAAGGTCC
TGGTGTCCGTGTGGGAGGAACCCCAACGGTTGTAAGGCCTTCTCTTGTTCCTGAAGCAAT
TGGACCAGTTGATATTTTACCATTGACACAATCGCACCTGTCTGAGCCTACTGCTTCATC
TTTAGTCCCATTAAACAGAGTCGTCGGTGATTTTACTTCCCAGTGAAGTTGAAACTAT
AGCCGAAATACATCCTATTCTGAAGGTCCGACAATCGACTCCCCTGTAGTCACCACAAC
GACAGGTTCCAGTGCTGTTCTGGAAGTGGCTCCAGAACCTGTACCCCCCTACACGTGTTAG
AATTGCTAGAACACAATATCATAATCCCCTCTTTTTCAGATACTCACTGAATCAACACCTGC
GCAGGGCGAGAGTTCTCTTGCTGACCATATTTTGGTCACCTCAGGGTCTGGTGGACAAAG
GATAGGCGGTGATATAACAGACGAAATTGAACTTACTGAGTTTCCAAGCAGATATACATT
TGAAATAGAAGAACCACCCCTCCACGAAAAAGTAGCACACCATTACAACTGTAGCCTC

TGCAGTAAGGCGACGGGGCTTCTCATTAACAAATAGAAGATTGGTACAACAAGTAGCTGT
AGACAATCCTTTATTTTAAAGTCAACCTTCTAAGATGGTAAGATTCTCATTTGACAATCC
AGCTTTTGAAGAAGAGGTTACCAATATTTTGAACAGGATGTTAACAGCTTTGAAGAACC
TCCAGACAGGGATTTTCTTGATATTAAACAATTGGGCCGTCCTCAATATTCTACAACACC
AGCAGGTTATATTAGGGTAAGCAGACTAGGAACTCGAGGCACCATTTCGCACTCGTTCTGG
TGCACAAATAGGTTCTCAGGTACACTTTTATAGAGATTTAAGTTCTATAAAATACTGAGGA
TCCAATAGAACTACAGCTTTTAGGGCAGCATTTCTGGAGATGCTACTATTGTTCAAGGTCC
TGTAGAAAAGCACATTTATAGATATGGACATTGCTGAAAACCCCTTTATCTGAAACAATAGA
TGCTTCATCTAATGATTTACTTTTTGGATGAGACTGTGGAGGATTTTAGTGGGTCCCAATT
AGTAATTGGAAATCGAAGGAGTACAACATCATATACTGTTCCCAGATTTGAGACTACTAG
AAGTAGTTCCTATTATGTTCAAGACACAGATGGTTATTATGTTGCTTACCCAGAGTCACG
GGACACTATTGATATTATTTACCCTACACCTGAATTACCTGTAGTTGTCATTCACACCCA
TGACAATTCTGGAGACTTTTACTTACATCCTAGTCTTAGAAGGCGTAAGCGTAAAAGAAA
ATATTTGTGATTTGCATTGCAGATGGCAGTGTGGCACTCGGCTAACGGTAAAGTATACCT
TCCTCCATCAACACCAGTGGCCAGGGTTCAAAGCACGGATGAATACATACAAAGGACTAA
TATCTATTATCATGCAAATACTGACCGCCTTTTAAACAGTAGGACATCCATATTTCAATGT
ATACAATAATAATGGAACATACATTAGAGGTTCAAAAGTATCAGGTAATCAGCATAGGGT
GTTTCGCTTAAAATTGCCAGATCCTAATAGATTTGCTCTAGCGGACATGTCTGTATACAA
CCCTGACAAAGAACGCTTGGTGTGGGCCCTGCAGGGGTCTAGAAATTGGAAGGGGTCAACC
TTTAGGTGTTGGCAGTACTGGTCACCCATATTTTAAATAAGGTAAAAGATACAGAAAACAG
TAATTCTATATCACAAACTCAAAGATGACAGACAAGACACCTCTTTTGATCCTAAACA
AATACAGATGTTTATTGTGGGCTGCACTCCATGTATTGGCGAACACTGGGATAAGGCAGA
GCCTTGTGGGGAACAGCAAACCTGGTCTTTGTCTCTCTATTGAATTAAAAAACACATACAT
TCAGGATGGCGACATGGCAGACATTGGTTTTGGCAACATTAATTTCAAGGCCTTACAACA
CAGTAGGTCTGATGTTAGTCTTGACATTGTAAATGAAACTTGCAAGTACCCGGATTTTCT
CAAAATGCAAAATGATGTTTATGGGGATGCTTGCTTTTTTTTATGCTCGTAGAGAGCAATG
TTATGCCAGACATTTTTTTTGTAGAGGGGGAAAAACAGGTGATGACATACCAGGAGCACA
GGTTGGCAATGGTAATATGAAAAATCAATTTTACATTCCTGGTGTACGGGTGTCAGGCTCA
GAGCACTATAGGTAATGCCATGTATTTCCCAACTGTCAGTGGCTCACTAGTCTCTAGTGA
TGCTCAACTGTTTAAACAGGCCATTCTGGCTCCAAAGGGCTCAGGGTCATAATAATGGCAT
TCTGTGGGCTAATCAAATGTTTGTACAGTTGTAGACAACACAAGAAATACAAATTTTCA
CATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAA
TTTTAGAGAGTATCAAAGACATGTGGAGGAATATGAAATTTCTGTAATATTACAATTGTG
CAAAGTTCCTTTAAAGCAGAAGTTTTAGCACAAATTAATGCCATGAATTCGTCTCTTTT
AGAGGAATGGCAGTTAGGATTTGTGCCTACTCCAGACAACCCTATTCAGGATACATATAG
ATATCTAGAATCTTTGGCCACTAGGTGTCTGAAAAGTCTCCTCCAAAAGAGAAGGTTGA
CCCCTACAAAGGTTTAAACTTTTGGGATGTGATATGACAGAGCGCCTTTCCCTGGATTT
AGATCAATATTCATTAGGTAGAAAGTTCTTATTTCCAGGCTGGATTACAGCAGACGACCGT
AAACGGTACAAAAACAACCTCCTTACAGGGGGTCCATCAGAGGAACAAAGCGCAAACGAAA
AAATTGAAGATGACCGTTTTTCGGTACAGATTGTTTAACTTTTACACAGTATTCAAGGAAT
GTCTGTTTACTGTGACTAAGTGTAACTCTGCCAAAGAAACAACCGCACCCGGTACACGTA
TTCAGCTTGTGCCAAAACAGATAAGCTTGGCAGTCAGAACACACCGTGTTCGTGCGAAC
ACGCTCGGATTAGGTCTTCTGCCAAAAGAAATTTAATCTTGTTATCGTTTTTGGCGATCA
CATTTGGCACCGCGGCAGCTGTTTTGGCACTACAAGACAACCGTT

>gi|3228267|dbj|D21208.1|_Human_papillomavirus_type_67_complete_genome
TTATAATCCTGTGTTTAAAAAAGTAGGTGTAACCGAAAACGGTTTGACCGAAAACGGTAA
ATATATAAAGCACACCAGTGTCCACCTACAGTGCAAGAAATATGTTTCAGGACACAGACG
AAAAACCACGCAACCTGCACGAATTGTGTGAAGCTTTGGAACCCACGGTGCATGAAATAA
GTTTGCCCTGCGTGCAGTGCAAAAAAAGCTTTGGACAGAAACGAGGTATATGACTTTTTTAT
TTACTGATTTGAAAATAGTATACAGATGTGGGAATCCGTATGGGGTATGTAAGCAATGCC
TAAGACTGTTTATCAAAAGTTAGTGAATATAGATATTTTAACTATTTCAGTATATGGAAATA
CTTTAGAAAGAAATTGTGCATAAACCATTAAATGAAATTACAATACGATGTATAACATGTC
AAAGACCATTGTGTCCACAAGAAAAGCAAAGGCATGTTGATCGAAAAAGCGATTTTCATA
ATATTTCCAATCGTTGGACAGGACGGTGTTCAGTGTGTTGGAGACCTCAACGAACGCAGA
CCCAGGTATAATATTTGAAGCCATGCGTGGAGACAAAGCTACATTGCAAGATTATATACT

AGATTTAAAACCCGAAACAACTGACCTATACTGCTATGAGCAATTGCATGACAGCTCAGA
TGAGGAGGATGAAGTAGGCATGGACCGGCCAGATGGACAAGCAAAACCAGATACAACCAA
TTACCATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCTTTGCGTTTGTGCATTACAG
TACAGCAGCAGACGTCCGAACAATCCAGCAGATGCTTATGAACACACTAGGAATAGTGTG
TCCCACCTGTGCACAACAATAAACATCATCTGAAATGGAGGACCCGGAAGGTACAGACGG
GGAACAGGGGGGGTGTACAGGATGGTTTTAGTGTAGAAGCAATAATTGAAAAAGAACAGG
AGATAAGGTATCAGAGGATGAGGATGAGGATGCATCTGACACTGGTAGTGATTTAATTGG
CTTTATAGATGATACACATATAGAAAACATACAGGCAGATACACAGGCAGCCCGCGCATT
ATTTAATTTACAGGAAGAGGAGGATGACCTAAACGCTGTGAGTGCACCTAAAACGAAAGTT
TACAGGCATACAGGCATGTGGTGGTAATAGTAATGGTATAGAAAAACCAAGCATGTACAGC
CGCAAAACGCAGAGCATACGACATAGAAGACAGCGGATATGGCAATACTGAAGTGGAAC
TCAAGAGACAATGGTGCAGGTAGAGGGGCAAAATGGCGATATGCAGTGCAGTAGTCAGTG
TAGTACGGGGGCAAGTAGTACGGGAAACAGTGTAGATATGCAATCGGAAAGTAATAGTAG
TCAGGAACAAAGCATGCCATTGCAAACTGTGGAAAATATTATGCATGTAAATAATATAAA
GGCAACGTTAATGCATAAATTTAAGGAAGCATATGGGGTAACGTTTACACAGCTAATAAG
ACCATTTAAAAGTGACAGGACAAGCTGTACAGATTGGTGTGTTACAGCGTTTGGAATAAC
ACCATCAGTAGCAGAAAAGTTTAAAGGTGTTAATCAAGCCACAAACGTTGTACACACATTT
ACAATGTTTAACTGTGACAGAGGTATTATTATATTATTATTAGTAAGGTTTAAATGTGC
AAAAACAGGTTAACAGTGTCAAAATTAATGTCTAATTTATTATCAATTCCTGAAACGCA
TATGATAATTGAACCACCAAAATACGGAGTACAACGTGTGCACCTATATTGGTTTAGAAC
AGGAATGTCAAATATAAGTGAAGTAAGTAGGGCAAACACCAGAATGGATAGAAAGACTAAC
GGTACTGCAACATAGTTTTGATGATACTATATTTGATTTAGGAGAAATGGTGCAATGGGC
ATATGACAATGACATAACAGATGATAGTGAAAATAGCATATCAATATGCAATGCTGGCAGA
TGTA AACAGTAATGCCGCAGCATTTTTTAAAAAGTAATTCGCAAGCCAAAAATAGTAAAGGA
TTGTGGTACCATGTGCAGACACTATAAAAAGAGCAGAAAAACGAAAAATGACAATAGGACA
ATGGATACAAGCTAGATGTGAAAAAGTAAATGATGGAGGAGACTGGAGAACAATAGTAAA
GCTATTAAAGATACCAAAATGTAGAATTTACACAGTTTTTTAGCAACATTTAAAAAGTTTTT
AAAAGGTATACCTAAAAAAAGTTGTATGGTAATATGCGGACCACCAAAACACAGGGAAAAC
ATATTTTGCATGAGTTTAAATCCACTTTTTTACAAGGATGTGTAATATCATATGTAAACGC
CAAAAGTCATTTTTTGGCTACAACCATTGTCAGATGCAAAAATAGGAATGATAGATGATGT
TACAGCAATATGCTGGACATACATAGATGATTATTTAAGAAATGCACTTGATGGAAATGA
TATTTCAATAGATGTAAAGCATAAAGCGTTAGTACAGCTAAAATGTCCACCATTACTATT
AACTTCCAACATAGATGTAGCAACAGATTCAAGATGGCCGTTTTTTACATAGTAGAGTAGT
AGTGTTTAGATTTAACAATCCATTTCCGTTTGATGAAAATGGCAATCCAGTATATAACTT
AAATGACGAAAATTGGAAATCCTTTTTCTCAAGGACGTGGTGCCAATTAGATTTAATTGA
GGAAGAGGACAAGGAAAACCATGGAGGAAAATTGCAACACGTTTTAAATGCAGTGCAGGAGA
AAATTCTAGATGTATACGAAGCTAATAAAAAAGACTTATGTACACAAATTGAACATTGGA
GACTGAGACGCATTGAATGTGCTTTGTATTATAAAGCTAAAGAACTGGGACTGGCACGGA
TAGGCCACCAGGTGGTGCCACCTATGTCAGTTACAAAGGCCAAAGCCTGTCAAATAATTG
AACTGCAAAATGGCATTACAAACATTAATGAAACACAATATAGTAATGATGAATGGACAT
TGCAAAGTACCAGCCTAGAACTATGGTTATGTGAACCAAAAAAATGTTTTAAAAAAG
GAGAGACTGTAACAGTGCAATACGATAATGATAAAGAAAATACAATGGAATATACAAGTT
GGAATGAAATATATATAGTAAAGGACTCTGTGTGGACAGTGGTAGTGGGAAAGGTGGACT
ATATGGGACTATATTATATATATGAAACAGAAAAACGTATTATGTAAAGTTTGAACCG
ATGCTAAAAAGTATTCAAAACAAAACATTTGGGAAGTGCATGTGGGTGCTCAGGTAATTG
TTTGTCTACATCTATGTTTAGTAACGAAATATCCACTACTGAGGTTGCTGCCCGGATAC
CACACGCCACAGAAACGTATACCCCTGCCACCACCGCGTGCACCAAGAAAAACAGGCGC
CTGCCAAACGACGACGACCTGACGTCCCAGACTTCTGCAACAACCTCCAGCACCCCA
AGCTATTGTGCAGACAACCGTCCGTGGACTGTACATCGGTGGGGCTCGTCCCTGGACCTC
AGTGCACAAACAAAGGACGGAGTGTGTGTGCACCTAACACTGCACCTATAGTGCATTTAA
AAGGTGACCCTAATAGTTTAAAGTGTTTAAAGATATAGATTAAAATGTAATACAGATTTAT
ATTGTCATATGTGCATCCACATGGCATTGGACCAGTGGAACCATACAAAACTAAAGAAG
CTATTGTTACTGTTACATATGCCAGTGAAACACAACGACAACAGTTTTTTAACTCTGTAC
GCATACCCCCCACTGTGCAAATTGTTTGTGGTATAATGTCATTGTAATATATTGTATATT
ACTACATTACACACAAGCCAATATGTGCTGCTAAGTTGTATATATAGGTATACTATACAA

TGCTGGCCATTTTTGTATTTGCATTTGTGTTGCTGTTGTGCTTTTGTATTGTGCTACGTC
CGCTTTTGTCTTCCATATATGTGTATGCATTATTGCTGGTGCTGGTGCTGGTGCTATGGG
GTTTTATAGGTTCCCCCTTACGGGTATTTTTGGCATATCTTATATTTTTGTACCTACCTA
TGATGTGTATTCAATTTACATGCACAGTATATTGTTTCCTAATACTTTGTATACTGTATGT
ATTTGTACATATTTATTGTTTTGTGCACAGTGTGGTACAATGGCATACTTTTATATTTA
CTAATAAACCATTTTTTTTTACTAGTGTGTACAATGAGACACAAACGATCTACAAG
GCGCAAACGTGCCTCTGCAACACAACCTATATCAAACATGCAAGGCGGCAGGCACCTGTCC
CCCGGATGTTATTTCCTAAAGTGGAAGAACCACCATTCAGATCAAATTCCTAAATTTGG
CAGTTTAGGTGTTTTTTTTGGAGGCCTTGGTATTGGTACTGGGTCTGGTACGGGTGGTAG
AACAGGTTATGTCCCTTATCTACACGGCCTCCCACTGCATCTGCGCCTACATCTACAAT
ACGACCCCTGTATCTGTTGATACTGTAGGGCCCCCTAGACTCTTCTATTGTGTCTATGAT
AGAAGAAACAAGTTTTATTGAGTCAGGTGCACCTGCACCATCTATTCCAACAGCATCTGG
ATTTGATGTTGCAACTTCTGCAGACAATACTCCTGCAATTATTAATGTTTCATCTATTGG
TGAATCTTCTGTACAATCTGTTACCACCCATTTAAATCCCACTTTTACAGAACCTTCAGT
ACTCCGCCCATTTTCATCTTCTGAAGCCTCTGGTCATTTAATATTTTCTACACCCACTAT
TAGTACACATTCATATGAGGACATTCCATGGATACCTTTATTGTTTTCTACTACTAGTGA
CAATGTAAC TAGTAGCACCCCTATTCCTAGGCCTCGCCCCACGGCAGCCCTTGGTTTATA
TAGTAAAGGCACACAACAAGTTAAGGTTGTTGACCCTGCTTTTTTGACATCGCCTCGTAG
ATTAATACATTTGATAATCTGCATTTC AACCTACAGAACCTGATGAAACACTTTACTT
TCAACACCAAGACATTTACCTGCACCTGACCCTGACTTTTTTAGACATAGTTGCATTACA
TAGGCCTGCTTTAACATCTCGCAAAGGCACATTAGATTTAGTAGGTTAGGTAGTAAGGC
TACAATGAAAACACGTAGTGGCAAACAAATTGGTGCTCGGGTGCATTATTATCAGGATTT
AAGTCCTATAGTACCTGCTGACTCCATAGA ACTACAGCCATTATCTCGCCCTGTGTCTTC
TGCTTCCCATTCTATTAATGATGGTTTATATGATGTATATATGGATCCTGACACACCCTT
TCCACAGCCATCAATATCCTATTACATTACATAGTCCTCAGACCACCAATGTTACTGTCCC
CTTAAGTAGTGGTTTTGATTTTCCATTTTCCCTCTACTGTACCATTACAGCCAGGTCCCGA
TATTGTGTCCCCTGTAGCCCCTACATACACTCCTTTTGTACCTGTTATACCTACATCTCC
CTTTAACAATGTACTTGTTTATGGTAGTGATTTTATTTTACACCCTAGTTATTTTTTACG
TCGCAGGCGTAAACGGTTTCCATATTTTTTTGTCAGATGTCCGTGTGGCGGCCTAGTGAGG
CCACTGTGTACCTGCCTCCTGTGCCTGTATCTAAGGTTGTAAGCACTGATGAATATGTGT
CACGCACAAGCATTTACTATTACGCTGGTAGCTCCAGACTTTTAGCTGTAGGCCATCCTT
ACTTTTCCATTCCTAATCCCTCCAACACTAAAAAGGTGTTAGTGCCCAAGGTGTCAGGTT
TGCAGTATAGGTTATTTAGGGTTTCGTTTACCAGATCCCAACAAGTTTGGATTTCCAGACA
CATCTTTTTTATAACCCTGACACACAGCGCTTAGTATGGGCTTGTGTTGGTATTGAAATAG
GGCGAGGACAGCCTTTGGGTGTTGGTATTAGTGGACATCCATTACTTAATAAGTTTGATG
ATACTGAAACAAATAATAAATACCCTAGCCAGCCTGGTACTGATAATAGGGAATGCTTGT
CTATGGATGCTAAGCAAACCCAGCTATGTATTATTGGTTGTAAACCTCCTACAGGTGAAC
ACTGGGGTAAAGGTACCCCGTGTAGTGGTAACAGTAATGGGCCAGGTGCCTGTCCCCCTT
TGGAAC TTATGAATACTGTTATTGAGGATGGGGACATGATTGATACTGGTTTTGGCTGCA
TGGATTTTAAATC TTTGTCAGGCCAATAAAAAGTGATGTTCCGTTAGATATATGTACCAGTA
TTTGTAATAATCCTGATTATCTTGGTATGGCTAGCGAGGCTTATGGGGACAGTTTATTTT
TCTTCCTGCGACGTGAGCAAATGTTTGTTAGGCATTTGTTTAAACAGAGCAGGTAAATTAG
GGGAGGATGTACCTACAGATTTGTATTTAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCACTGCAAA
CCTCAGCTTTTTTTCCTACTCCAGTGGCTCTATGGTTTCCTCAGAATCTCAATTATTTA
ATAAACCATATTGGTTACAACGCGCACAAGGTCATAACAATGGTATATGCTGGGGTAATC
AAATATTTGTTACTGTTGTAGACACTACACGTAGTACCAACATGACTTTATGTTCTGAGG
AAAAATCAGAGGCTACATACAAAAATGAAAAC TTTAAGGAATACCTTAGACATGTGGAAG
AATATGATTTGCAGTTTATATTTTCAGCTGTGCAAAATATCCCTTACTGCAAATGTTATGC
AATACATACACACCATTGAATCCAGATATATTAGAGGACTGGCAATTTGGCCTTACACCAC
CTCCTTCAGGTAATTTACAGGACACATATAGATTTGTTACCTCGCAGGCTATTACCTGTC
AAAAAACATCCCTCCAACAGCAAAGGAAGATCCTCTTAAAAAGTACAGTTTTTGGGAAA
TCAATTTAAAGGAAAAATTTTCTGCAGATTTAGATCAATTTCCCTTAGGTTAGAAAATTTT
TATTGCAGGCAGGTTTTACAGCTAAACCTAAACTAAAACGTTCTTCACCTTCTTCTTCCT
CTTCCTCCTCTGCAAAACGTAAAAAGGTTAAAAAGGTAATTGTATGACTGTTGTGTGTTTG
TATTGTTTGTATGTATGATTTGTATGTTTGTGTAATGTGTATGTTATGTGTATGCATGTT

CCCTGTGTCTGTCAATTTCTGTTTTTGTTAATAAACATTACATACAATGTAACTATAT
TGTTGTGTGTCGTGTGGTTGCACCCAATGAGTAAGGTACTGTCCCTATATCCCTGCCCATGC
CATGCCCTTGCCTATCCCTGTATAATTATATGTAGCATACTGTGTTTGGTATATTTATTA
CTTTTACTTATAACATTACAGTCTCCATTTTGGGTACTACTCCATTTTATATCTGTAAC
CGGTTTCGGTTGCTGTTGGCATAGGGTTTTGGTATTCTAGGTTTCTTGCCAACATTGTTA
ATCTTTGTCTTCCCTGCAGTGCAATGCCTTTACTTGCTGTTGCTCTCCCGCCTAAATTGAC
TCATGGTATTGCAGTGCAACACGCCCTTTTACATGTTTTAAACTGCTTTTAGGCACATAT
TTTTACCATGTTTTTATTGCTTAATTGCACCTTTTGGCTTGCACAGCACTATTTTATTGGG
TTTATGTTACTATTGTAAAGCCAACATACACCTTGTAAAATGATTCAAACCCCTTACTCACA
CAGGTGTGTATGCACCGGTTTGGGTAAACATGTTCCAACCATATTGTTACATTATTATAA
A

>gi|1173493|gb|U21941.1|HPU21941_HumanPapillomavirus_type_70,_complete_genome

CTTATAACATTTTACAATCATAATTTAAAAAAGGGAGGCACCGAAAAACGGTCACGACCG
AAAACGGTGTATATAAAACCATGCAAAAGTTGCTTGCCCATACGGAATGGCGCGATTTC
CAATCCTGCAGAACGGCCATACAAATTGCCTGACCTGTGCACGGCGCTGGACACTACATT
GCACGACATTACAATAGACTGTGTCTATTGTAAAACACAGCTACAGCAAACAGAGGTATA
TGAATTTGCATTTAGTGATTTATTTATAGTATATAGAAACGGGGAGCCATATGCTGCATG
CCAAAAATGTATTAAATTTTCATGCTAAAGTAAGGGAACCTACGGCATTATTCGAACTCGGT
GTATGCAACAACCTTTGGAAAGCATAACTAATACCAAGTTATATAATTTATCAATAAGGTG
CATGAGTTGCCTGAAACCATTTGTGTCCAGCAGAAAAATTAAGGCATGTTAATACCAAAG
AAGATTTCAACCAATAGCAGGAAGCTATACAGGACAGTGCCGACACTGCTGGACCAGCAA
CCGGGAGGACCGCAGACGTATACGAAGAGAAACACAAGTATAAATATAAATATGCATGGA
CCACGGCCGACATTGCAAGAGATTGTTTTAGATTTATATCCATACAATGAAATACAGCCG
GTGCACCTTGTATGTCACGAGCAATTAGAAGATTTCAGACAATGAAACAGATGAACCCGAC
CATGTAGTTAATCACCACAACAACACTACTAGCCAGACGGGAAGAACACAGCGTCACAAA
ATACAGTGTATGTGTTGTAAGTGTAATACTACACTGCACTTAGTAGTAGAAGCCTCACAA
GAGAACCTGCGATCTCTACTGCAGCTGTTTATGGAGACACTGTCATTTGTGTGTCCCTGG
TGTGCATCGGGAACCCAGTAACCTGCAATGGCCAATTGTGAAGGTACAGATGGGGATGGG
TCGGGATGTAACGGATGGTTCCTAGTACAGGCAATAGTAGATAAAACAAACGGGCGACACT
GTGTCAGAGGACGAGGACGAAAATGCAACAGATACAGGTTTCAGACTTGGCAGACTTTATT
GATGATACTACAGATATTTGTGTACAGGCAGAGCGGAGACAGCACAGGTACTGTATAAT
ATGCAAGAGGCCCAAAGGGATGCACAATCAGTGCGTGCCTTAAAACGAAAGTATGGAGGG
AGCAATCTAAATAAAAGTCCTTGTGCAAAACCGCCAGGCGTACATAGGGAACAAAGGGTA
ACACTACAAGAGCTCCCGGTAAACATATGCAATAAACAGGCAAGAACAAACGTGTATTCA
GTACCAGACAGCGGCTATGGCAATATGGAAGTGGAACAGCTGAAGTGGAGGTAAGTGT
GTAAATAATACAAATGGGGAAGAGGAAGGGGAAAATGGCGGGGAAAATGGCGGCAGCATA
CGGGAGGAGTGCAGTAGTGTAGACAGTGCTATTGATAGTGAGAATCAAGATCCACAGTCA
CCTACTGCACAGCTAAAAACAGTATTACAGGCTAATAACCAAAAAGCCATACTACTATCA
CAATTTAAACACACATATGGATTAGCATTTAACGACCTGGTACGTACATTTAAAAGTGAT
AAAACCATATGTAAGTACTGAGTGGGTAGCAGCAATATGTGGAGTAAATCCCACCATAGCAGAA
GGCTTTAAAACACTAATTCAGCCATATGCGTTATATACACATATACAGTGTTTGGATACC
AAATATGGAGTGTATATACTACTATTAATTAGATATAAATGTGGAAAAAACAGGATAACA
GTAGGCAAAGGATTAAAGTAAATTATTACATGTGCCAGAAAGTTGTATGCTAATTGAACCA
CCTAAATTGCGTAGCCCTGTTGCAGCACTGTATTGGTATAGAACTGGAATGTCTAATATA
AGTGAAGTGTGAGTACTACGCCAGAATGGATACAGCGATTAAACAGTAATACAGCATGGA
ATAGATGACAGTGTATTTGACCTGTCTGATATGGTACAATGGGCATTTGATAATGATGTA
ACAGAAGACAGTGACATAGCATATGGATATGCATTATTAGCAGATAGTAATAGTAATGCT
GCAGCATTTTAAAAAGTAAGTACGCGGCAAAATATGTACGCGACTGTGCTACAATGTGC
AGCATTATAAAAGGGCACAAAAAACAAATGACTATGGCGCAATGGATTAGGTTTAGA
TGTGATAAATGTGACGATGGGGGCGACTGGCGACCAATAGTGAATTTCTAAGGTATCAA
GGGGTAGAATTTATAACCTTTTTTGTGTGCATTTAAGGAGTTTTTTAAAGGGCACCCCAAAG
AAAAATTGCATAGTAATACAGGGACCACCAAAACACAGGCAAGTCATACTTTTGTATGAGT
TTAATGCACTTTTTTACAAGGTACAGTAATTTTCATATGTAAATTCCACTAGTCATTTTTGG
TTAGAGCCACTTGCAGATGCAAAGGTAGCAATGTTGGATGATGCCACAGGCACATGCTGG
TCATATTTTCGATACGTATATGAGAAATGCATTAGATGGAAATCCTATAAGCCTTGACAGA

AAACATAGACATTTTAATACAAATTAAGTGTCCACCCATATTAATAACATCCAATACCAAT
CCTGTAGAGGAAAATAGGTGGCCATACCTAACTAGCAGACTAACAGTGTTTACATTTTCCT
AATGCATTCCCATTTGACCAAAACAGGAATCCAGTGTACACAATCAATAATAAAAACTGG
AAAAGTTTTTTCCAAAAGACTTGGTGCAAATTAGACTTGCAGCAGGACGAGGATGAAGGA
GACAATGATGGAAACACTATCCCAACGTTTAAATGCGTTACAGGAGAAAATACTAGAACA
TTATGAACAGGACAGTAACTAATATATGATCAAATCAATTATTGGAAATATGTGCGACT
GGAAAATGCAATATTTTATGCAGCACGGGAACGTGGCATGCATACTATAGACCACCAGGT
GGTGCCACCAGGCACTACTTCAAAAAGCAAAAAGCATATCAAGCTATTGAACTGCAGATGGC
CCTAGAGAGCCTTGCACAAACTGACTTTAATAAAGAGGAGTGGACATTAAAGGACACAAG
TAATGAAATGTGGCAGACAAAGCCAAAACAATGTTTTAAAAAAAAGGTGTTACAGTGGA
GGTGTGGTACGATGGAAACAAGGACAATTCTATGCATTATGTAGTGTGGGGAGCAATATA
TTATAAAACACATACAGACACGTGGTGTAACAGAGGGTATGTGGATTACTGGGGTAT
ATATTATGTGCACGAGCAGCATAAGACATATTATGAAGTGTTTAAAGCAGGATGCACAAAT
GTATGGGACTAGCGGAAAATGGGAAGTGCATTGTAATGGCAACATAATTCATTGTCCTGA
CTCTATGTACAGTACCAGTGACGACACAGTACCCACTACTGAGCTTACTGCAGAACTACA
ACACACCACCCCGGCCCATACCGCCGCAACAACCCCATGCACCAAAAAAACTAAGTCGGC
GCCGTCTTGCAAGTGTGGAGTCTCCAGACCCCTCAGAAACAGACGGAGTGTCGTGGACCT
TGTTACAAGTAAAGGCTGCAACAAACGACGGCACCAGTGTTGTGGTGACACTACACCTAT
AGTGCATTTAAAGGTGACAAAAATGGTTTAAAGTGTCTTAGGTATCGATTGCGAAAATT
TAATTCATTGTATGAAAATTTTCATGTACTTGGCATTGGATAGGGGGCAAGGGAAGTAA
ACATACAGGTATACCTAAGTGAACATATACTACTGAAGCACAACGCCAAAAATTTTTGGA
AACTGTTAGAAATCCACCTAGTGTACATGTATCTGTGGGATATATGACATTGTAACAGCA
CATGCTGTATGTATATTGTATACATATCAATGATTGCATTGGTGTTTTTGGTGTGGTTTG
CTGTATGCTTATATATATGTTGCAGTGTCCCGCTTTTGCCGTCTGTGCATTTGTGTGCGT
ATATGTGGCTACTTTTTATTTGTGTTTATTGTTGTACATACCACACCATTGCAAATGTTTT
GTATATATTTACTATTTTTTATATTGCCATATGTGGTTTTTACACATCCTTTCAGTATATG
CTTAAGTTGTGTTGCTGCATAGTGTATTGTACATTACTTGTTTTTACATTTATATTGTAC
CAATAAACATGGTTTTCTAGCCGTGCGTCCAGGCGTAAGCGTGCATCTGCAACAGACATAT
ATAAAACCTGCAAGCAATCAGGCACATGTCCGCCTGATGTTGTTAATAAGGTGGAGGGTA
CCACACTGGCTGATAGTTTTTACAATGGGCTAGTTTAGGTATTTTTTTGGGTGGTTTTGG
GAATCGGTACGGGTACTGGTACTGGGGGCCGCACAGGGTACATTCCCTTGGGGGGTAGGC
CTAGTACAGTTGTAGATGTTACCCCTGCACGTCCCTCCTGTGGTTATAGAACCTGTAGGAC
CTACAGAACCTTCTATTGTTTCAGTTGGTAGAGGAATCTAGTGTTGTTTCCTCTGGTACAC
CCATCCCTACTTTTACAGGCACATCTGGGTTTGAAATTACATCTTCTGCAACCACAACAC
CTGCTGTATTAGATATTACCCCTGCTTCTGGGTCTGTTCAAATTAGTACCCTAGTTATA
CCAATCCTGCATTTGCTGATCCATCGTTAATTGAGGTTCCACAAACAGGTGAGGTGTCAG
GCAATATATTTGTTACTACTCCAACATCTGGAACACATGGATATGAAGAAATTCCTATGC
AGGTTTTTGCCTCACATGGAACAGGCACAGAACCTATTAGTAGTACTCCTGTTTCCTGGTG
TTAGTCGTGTGGCAGGCCCACGTTTATATAGTAGGGCCTATCATCAGGTTTCGTGTTAATA
ATTTTGATTTTGTAAACCGCCCTTCATCTTTTGTAACATTTGACAATCCAGCTTTTGAGC
CTGGTGATACATCCTTAACATTTGAACCTGCTGACACAGCTCCTGATCCAGATTTTCTGG
ACATTGTTTCGTTTACATCGGCCTGCTTTAACCTCACGACGCGGAACAGTACGCTTTAGTA
GGCTTGGTAAAAAGGCCACAATGTTTACCCGGCGGGGTACACAAATTGGGGCACAGGTTTC
ATTATTATCATGATATTAGTAACATTACTGCAACAGAAGACATTGAGATGCAACCTTTAC
TTACCTCTGAATCTACAGATGGTTTATATGATATATATGCAGATGCAGATATAGATAATG
CAATGTTACATACTACTTCTCATACAGGTTCTACAGGACCTAGGTCCCATCTTTCATTTTC
CTTCTATACCTTCTACAGTGTCTACAAAATATAGTAATACAACCATTCCATTTACTACTT
CTTGGGACATACCTGTAAACACTGGCCCTGACATAGTTTTTACCTACTGCATCCCCCAATT
TGCCCTTTGTCCCTCCTACATCTATAGATACCACAGTTGCAATAGCCATTGAGGGCTCCA
ATTATTATTATTATGCTTTATTATATTATTTTCTAAAGAAACGTAAACGTATTCCCTATT
TTTTTACAGATGGCTTTGTGGCGGTCTAGTGACAACACGGTGTATTTGCCACCCCTTCT
GTGGCGAAAGGTTGTCAATACAGATGATTATGTAACACGTACAGGCATATATTATTATGCT
GGAAGCTCTCGCTTATTAACAGTAGGGCATCCTTATTTTAAAGGTACCTGTAAATGGTGGC
CGCAAGCAGGAAATACCTAAGGTGTCTGCATATCAGTATAGGGTATTTAGGGTATCCCTA
CCTGATCCTAATAAGTTTGGCCTTCCGGATCCTTCCCTTTATAATCCTGACACACAACGC

CTGGTATGGGCCTGTATAGGTGTGGAAATTGGTAGAGGCCAGCCATTGGGCGTTGGCGTT
AGTGGACATCCTTTATATAATAGATTGGATGATACTGAAAATTCTCATTTTTCCTCTGCT
GTTAGTACACAGGACAGTAGGGACAATGTGTCTGTGGACTATAAGCAAACACAGTTATGT
ATTATAGGCTGTGTTCCCTGCTATGGGAGAGCACTGGGCTAAGGGCAAGGCCTGTAAGTCC
ACTCAACAGGGCGATTGTCCACCATTAGAATTAGTTAATACTGCAATTGAGGATGGCGAT
ATGATAGATACAGGCTATGGTGCCATGGACTTTTCGTACATTGCAGGAAACCAAAAGTGAG
GTACCACTAGATATTTGCCAATCCGTGTGTAAATATCCTGATTATTTGCAGATGTCTGCT
GATGTATATGGGGACAGTATGTTTTTTTTGTTTGCAGCAAGGAACAGTTGTTTGCCAGGCAC
TTTTGGAATAGAGGTGGCATGGTGGGCGACACAATACCTTCAGAGTTATATATTAAAGGC
ACGGATATACGTGAGCGTCTCTGGTACTCATGTATATTTCCCTTCCCCAAGTGGCTCTATG
GTCTCTTCTGATTCCCAGTTGTTTAATAAGCCCTATTGGTTGCATAAGGCCCAGGGACAC
AATAATGGCATTTGTTGGCATAACCAGTTGTTTATTACTGTGGTGGACACTACACGTAGT
ACTAATTTTACATTGTCTGCCTGCACCGAAACGGCCATACCTGCTGTATATAGCCCTACA
AAGTTTAAGGAATATACTAGGCATGTGGAGGAATATGATTTACAATTTATATTTCAATTG
TGTACTATCACATTAACCTGCTGACGTTATGGCCTACATCCATACTATGAATCCTGCAATT
TTGGACAATTGGAATATAGGAGTTACCCCTCCACCATCTGCAAGCTTGGTGGACACGTAT
AGGTATTTACAATCAGCAGCTATAGCATGTCAAAGGATGCTCCTACACCTGAAAAAAG
GATCCCTATGACGATTTAAATTTTGAATGTTGATTTAAAGGAAAAGTTTAGTACAGAA
CTAGATCAGTTTCCCTTTGGGCGCAAATTTTACTACAGGTAGGGGCTCGCAGACGTCCT
ACTATAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCGTCTTCCCTAGCCCTCTAAACAC
AAACGGAAACGTGTGTCCAAGTAATGTATGTATGTTGTATGCTGTGTATTTGTACTAT
TACATATTTGTGTTTTTATGTTGTATGCTTGCACACTGTTTACATATTTGTGTTTGTATG
TTGTATGCTTGCACACTGTACTGTATATGTTTGTCTTGGTACATATTTGTGGTTGTATGT
GTATATGTTGCGTGCTATGTGTATGTTTTAGAAGTATGTGTGTATGTATGTTTTTGTAA
TAAAGTATGTATGGAGGTTTCATTTGTGGTTGCACCCTGTGACTAAGGTGTTGTCCCTGT
TTTACATATAATAGGAGTGTGATTACCAACATTTCCCTACATAATTTTATGCCCTACCCTA
AGGTGTGTGTATACCATTTGTAGTTTATACATTTATATTTTATAGTGGGTTACCTGTATA
CAGCAACGGCCATTTTGTGTGAAACCGTTTTTCGGTTGCATTTGGCTTTGTACCATCAGTT
ACCCTTATAAACCTTTTGTATCAGCAAAAACATGTCCTGTAACCTAAGTTCACCTACATA
CTTGGCACTACTAACAGTTTTAGTGGCGCACCTACACTTAGTCATCATCCTGTCCAGGTG
CACTACAACAATGCTTTGGCAACCTTATGCACCTCCACCCTGTCTAATAAAGTGCTTTTA
GGCATGTATTTTACCTGTTTTTACTTACCTAAGAGCATAGTTGGCCTGTATAACAGCTTT
TACATCCAAGAATGTGTCGTTTTGGTGCAAGTTATATTTTGTGACTAATATTTTACAGAC
CTGTGTGCAACCGAAATAGGTTGGGCAGACATTCCTATACTTTTA

>gi|333074|gb|M12737.1|PPH8CG_Human_papillomavirus_type_8,_complete_genome

AACGGTAAGTTTCATCAGTGTAACAGGTGCGGTATGAAAATTTCTTAATCATAAGTTGTT
ATTGCCAACCAACCATCGTCTATAGCATGTTTTTGCCTGTATCGTTTTCGATCACACCATA
TTGTATATTAATAATAATAATAATATATATATATATTGTTACAATGCTGTGACTTGTGC
AATTTTCCCTAAGCAAATGGACGGGCAGGACAAGGCTTCATATTTAGACACTAATAAGGAC
GAGCTACCCCTCTACTATTAAAGAGTTAGCTGCGGCTTTAGGTATTCCATTGCAGGACTGT
TCAGTACCGTGCAACTTTTGTGGTAACTTTTGGATTTCTTAGAACTGTGTGAGTTTGAC
AAAAAGAGACTGTGCCTAATTTGGA AAAATACGTTGTTACTGCGTGTGTGCTTGTGTTGT
TGTGTAGCAACCGCAACGTTTGAATTTAATGAATATTATGAGCAAACTGTGCTAGGCAGA
GATATTGAATTAGCTACAGGACGTTCAATTTTGGATAGACGTTAGGTGTCAAACTGC
TTGTCAATTTTGGATATCATAGAGAAATTAGATTGCTGTGGGAGAGGCCGTCCCTTTTCAT
AAAGTTAGAGGAGGCTGGAAAGGAGTTTGCAGGCTTTGTAAGCATTGTATCATGATTGG
TAAAGAGGTCAGTGTGCAAGATTTTGTGTTGAAGTTAAGTGAGATACAACCTGAAGTGTT
ACCAGTTGACCTGCTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAACAGGAAACGAGGAGGAGCT
AGACATCGAAAGAATGTATTTCAAATTTGTTGACCCGTGTGGCTGCAGCTGCTGTGAGGT
CAAGCTACGTCCTTTTTGTCAACGCAACTGATTCGGGTATCAGGACCTTTCAAGAATTGCT
GTTTCAGAGACCTACAGCTTCTGTGTCCTGAGTGCCGCGGTAAGTGC AAACATGGCGGATC
ATAAAGGTAGTACATCTAAAGAAGGGTTAAGTGAGTGGTGTATTTTGAAGCTGAATGTA
GTGATGTAGACAATGATTTTGAACAATTATTTGAGCGAGATACAGACTCAGATATTTTCGG
ACTTATTAGATAATTGTGACCTGGATCAGGGAAATTCTCTGGAACATTTTCATCAACAGG
AGTGTGAGCAGAGCGAGGAGCAATTACAAAAACTAAAACGAAAGTATCTTAGTCCTAAAG

CTGTCGCGCAGCTCAGTCCGCGGCTCCAGTCAATATCACTGTCACCTCAGCAGAAATCCA
AGCGAAGGCTCTTTGCAGAGCAGGACAGCGGAGTCGAGCTAACTCTTAACAATGAAGCTG
AAGATGTTTCTCATGAGGTGGAGGTACCGGCTATAGACTCTCGGCCGGAAGATGAGGGAG
GATCAGGGGCTTTAGATATTGACTATACAGCATTGTTGCGGTCCAGCAACACAAAGGCCA
CATTAATGGCAAAATTTAAAGAGGCATTTGGGGATGGCTTTAATGAACATAACACGCCAAT
TTAAAAGTTACAAAACCTTGCTGTAACATATTGGGTTGTAGCTGCTTATGCAGTGCATGATG
TATATGAAAGCTCAAAGCAGTTATTGCAACAGCATTGTGATTATATTTGGGTTAGAAGTA
TAGCTGCAATTACATTATATCTATTGTCTTTTAAGGCGGGAAAAAATCGCGGTACTGTGC
ATAAACTAATGACCTCAATGCTAAATGTGCAAGAGCAGCAGATATTGTCTGAGCCTCCTA
AATTGAGACACACTGCTGCTGCTTTGTTTTGGTATAAAGGAGGAATGGGGACAGGAACAT
TCACGTATGGTTCATACCCTGATTGGATTGCACATCAAACAATTCTTGGCCATCAAAGTG
CTGAAGCAAGCACCTTTGATTTTTCTGTAATGGTACAATGGGCATTTGATAATAATCATT
TTGAGGAGGCCGACATTGCTTATGGATATGCAAACTAGCCCCAGAAGATGCTAATGCTG
TAGCCTGGCTTGCTCATAATAGCCAAGCTAAATTTGTAAGAGAGTGTGCAGCAATGGTTC
GATTTTACAAAAGGGGGCAAATGAGAGAAATGACCATGTCTGAGTGGATATATACAAGGA
TCAATGAGGTTGAAGGAGAGGGGCATTGGTCTTCATAGTAAAATTTGTAAGGTACCAGG
GTATAAATTTTATTACATTTTTAGCTGCCTTAAAAGATTTTTTGCATTCCGTACCTAAGC
GAAACTGTTTGTTAATCTATGGTCCACCTAATACTGGGAAATCTACATTTGCTATGTCAT
TATACAGGTGCTGAAGGTAGAGTATTATCATATGTAAATTCAAAAGCCAATTTTTGGT
TACAACCTCTTGGTAGACTGTAAAATAGCACTGTTAGATGATGTGACAGACCCCTGCTGGC
TGTACATGGATACATTTCTGCGAAATGGATTAGATGGGCATGTTGTGTCATTAGATTGTA
AATATAAAGCACCATGCAAATTAATTTCCCTCCCCTTTTGTTAACTTCCAATATTAACC
TGCATGAGGAGGCTAACTATAGATATTTACATAGCAGAGTCAGAGGATTTGAATTTCCAA
ATCCTTTTCCAATGAAACCAGACAATACACCTGAATTTGAATTAACCTGACCAAAGCTGGA
AATCTTTTTTTGCAAGGCTTTGGACACAATTAGAGCTGAGTGATCAAGAAGACGAGGGCG
AACATGGAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGTTCTGCAAGATCAGCTAATGAACATTTAT
GAAGCTGCAGAACAAACACTTGAGGCACAGATTGCGCATTGGCTGCTTTTGCGAAAAGAA
GCTGTGTTGCTATATTTTCGCTAGGCAAAAAGGCATCACCAGGATTGGATATCAACCTGTG
CCGCCACTAGCAGTGTCTGAAGCAAAAGCCAAGCAGGCTATAGGAATAATGTTGCAGCTG
CAGTCACTACAGAAATCTGAGTTTGCAGATGAGCCTTGAGCATTAGTGGACACAAGTATA
GAGACTTATAAGAATGCTCCAGAAAATCATTTTAAAAAAGGCGCCACACCTGTGGAGGTG
ATATATGATAAACAGCCTGACAATGCCAATGTATACACTATGTGGAAGCACATTTACTAC
ACTGATGCAGACGATAAGTGGCACAAAACCACAGTGGGGTTAACCAGACTGGCATATAC
TATATGCAAGGCAGCTTCAGACATTATTATGTTGTGTTTGCTGATGATGCACGTAGATAT
AGTGCTACTGGAGAATGGGAAGTAAAAATTAATAAGGACACTGTGTTTGCTCCTGTTACC
AGCTCCACCCCCCGGATCACCACCAGGACAAGCAGACACAGACACCGCCGCAAGACC
CCCACCACCTCCGCTGACTCCACGTCCAGACAGCAGCGGTCCCCTGCAAAACAGCCACAA
CAAACCGAAACCAAAGGACGAAGGTACGGGAGACGGCCGTCCAGCAGAACAAAGACCGCAA
AAAGAGCAGAGGCGATCAAGGTGCGGACACCGCACCAGGTCTCGCTCCCGGTCGCTCTCC
CGGGTTAGGGCCGTTGGCTCCACCACCGTATCCAGGTCCAGGTCTCGCTCGCTCACCAG
GCAGTTTCGGCCCCGTCCAGATCGCGATCCAGAGGACGGGCTACAGCCACCTCTAGGCGA
AGGGCAGGTCGAGGGTCACCCAGGCGACGGCGATCAACCTCAAGGTACCCCTCCACCAAC
ACCTTCAAACGGTCACAAAGGGGAGGAGGGAGACGGGGAAGAGGAAGGGGCAGTAGGGGG
AGACGGGAACGATCATCTCCACCTCCCCACCCCCACCAAACGTTCAAGAGGGGAGTCT
TCTAGGTTGCGTGGGGTCTCTCCTTCTGAAGTGGGAAGATCAGTTCAATCTGTTAGTGCA
AAACATACAGGGCGACTTGGAAGACTACTGGACGAAGCTATCGACCCCCAGTAATATTG
GTTTCGAGGGGAGGCAAACACATTAAAATGCTTTCGCAACAGAGCTAGAGTTAGATATAGA
GGACTGTTCAAATACTTTAGCACCCACGTGGTCATGGGTGGCCGGCGATAGCACTGAGCGT
CTAGGCAGGTCCAGAATCATCTGTTTACTTTCAGCTGGCCAAAGAAAGGACTTTTGAT
GAGACTGTGAAATACCCGAAGGGAGTTGATACATCTTATGGTAACCTGGACAGTCTATAA
CATTACTAACGCTGCCTTGCTACTAACACACTAACATATTCCCATTTGCTTTTTACTATA
TTTTTTAATTTGTATACTGCTATGGCGCGTGCTAGACGGGTCAAGAGAGACTCTGTCACAC
ACATTTATCAAACCTGCAAACAGGCAGGTACATGCCCCCTGATGTTATTAATAAAGTTG
AGCAAACAACAGTTGCTGACAATATTTTAAAATATGGCAGTGCTGGTGTATTTTTTGGAG
GCCTTGGTATAGGTACCGGCCGTGGTACAGGGGGTGTACTGGGTACACGCCATTAAGTG

AGGGGCCTGGTATCCGTGTTGGAAATACTCCCACAGTGGTACGGCCCTCACTTGTTCAG
AAGCGGTAGGTCTTATGGACATACTGCCAATCGACACTATTGACCCTGTAGAGCCTTCAG
TCTCCTCTGTGGTGCCACTCACTGAATCTTCAGGAGCCGACCTACTTCCAGGGGAAGTTG
AGACAATTGCTGAAATTCACCCTGTACCTGAAGGCCCCACCATTGATTCACCTGTGGTGA
CGACAAGCAAAGGTCAGTGCCATTTTAGAGGTGGCTCCTGAGCCAACCCCTCCTACCC
GTGTCAGAGTTTCACGTACACAATATCACAACCCCTTCTTTTCAAATCATAACTGATTCCA
CACCTACACAAGGAGAAAGTTCTCTAGCAGACCACATTTTAGTGACTTCTGGCTCTGGAG
GCCAGACTATAGGTAGTGACATAACAGATGTCATAGAAGTCAAGAATTTTCCTAGTAGGT
ATTCATTTGAGATTGATGAACCTACACCACCACGGCAAAGTAGCACACCTATTGAGAGAC
CTCAAGTAGTGTGGTAGACGTAGAGGTATTTCTTTAAACAAATAGACGACTGATACAGCAGG
TGGCTGTTGAGGATCCTTTGTTTTTATCAAAACCTTCCAAATTAGTAAGGTTCAAGTTTGTG
ATAATCCTGTATTTGAAGAGGAGGTCACTAATATATTTGAGCAAGATGTGGACATGGTCG
AGGAGCCTCCAGATAGAGATTTTCTTGATGTTCCGGCAGCTAGGGCGCCCAATACTCTA
CTACACCAGCTGGCTATGTCAGAGTTAGCAGGTTAGGCACACGTGGCACCATTTCGCACAC
GTTCTGGTGCAAAATTGGGTTCGAGGTACATTTTTACAGGGATTTAAGTTCAATCAATA
CAGAAGATCCTATAGAAGTCCAACCTATTAGGTCAACATTCTGGGGATTCTACAATAGTAC
AGGGTCTCTGTGAAAGCACATTTTGTAAATGTTGATATTTCTGAAAATCCTTTATCTGAAA
GTATTCAAGCATTTTTCAGATGATTTACTACTGGATGAAACTGTAGAGGATTTTAGTGGGT
CCCAATGGTAATAGGTAATAGAAGAAGTACAACCTTCTTATACTGTTCTTAGATTTGAAA
CAACAAGAAGTGGCTCTTATTATGTGCAAGACACTAAAGGTTATTATGTGGCTTATCCTG
AAAGTCGCAATAATGAGGAAATAATTTACCCTACACCTGATCTTCGGGTGGTAATAATCC
ACACACATGATAACAGTGGTGACTTCTTCTTACATCCTAGCCTTCGCAGACGCAAACGTA
AAAGAAAATATTTGTGATTTTGCATTACAGATGGCAGTGTGGCAATCGGCTACCGGTAAG
GTTTATCTGCCTCCTTCAACACCAGTGGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGAATACATTCAA
AGAATAACATCTACTATCACGCCAATACTGACAGACTGCTCACTGTAGGACATCCATAT
TTCAATGTTTACAACAATAATGGTGACACATTACAGGTTCCCAAAGTATCGGGAAATCAA
CACAGGGTCTTTCGCTTAAAGTTACCAGATCCAAATAGGTTTGCAGTGGCAGATATGTCT
GTATACAATCCAGACAAAGAAAGGTTGGTATGGGCTTGCAGAGGCTTAGAAATCAGTAGG
GGACAACCATTAGGTGTTGGGAGCACCGGCCATCCCTATTTTAAATAAAGTGAAAGACACT
GAAAACAGCAATTCATACACCACAACATCTACAGATGACAGACAAAATACTTCCTTTGAT
CCTAAGCAAATACAAATGTTTATTGTGGGTTGCACACCCTGCATTGGTGAGCATTGGGAA
AAAGCCATTCCATGTGCAGAGGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAACTAAAA
AATACAGTTATTGAAGATGGGGACATGGCAGATATTGGTTTTGGTAATATGAACTTTAAG
ACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGACATAGTAAATGAGATATGCAAATAT
CCTGATTTTTTTGAAAATGCAGAATGATGTGTATGGTGATGCCTGTTTCTTTTATGCACGA
AGGGAACAGTGCTATGCTAGACATTTTTTTTGTGAGAGGGGGTAAGACAGGTGATGACATA
CCTGCTGCTCAAATTGATGATGGCATGATGAAAAATCAATATTACATTCTGCTGGTGACAA
GATCAATCACAAAAGGATATAGGTAATGCTATGTATTTCCCAACCGTCAGTGGCTCACTT
GTTTCAAGTGATGCTCAATTGTTTAAACAGGCCTTTCTGGCTGCAGCGTGCCAGGGTCAT
AATAATGGCATTCTCTGGGCTAATCAAATGTTTGTCACTGTGGTAGACAACACGCGAAAC
ACCAATTTTAGTATTTTCACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTAT
AAATCAACCCAGTTCAGAGAATATCTGAGACATGTAGAAGAATATGAAAATTTCCCTCATA
TTACAATTGTGTAAGATACCACTAAAGGCTGATGTTTTAGCACAAATCAATGCCATGAAT
TCATCACTACTTGAGGAATGGCAACTGGGATTTGTACCTACCCCTGATACTCCAATTTCAT
GACACCTACAGATATATTGATTCTCTTGCCACACGTTGTCCTGATAAAAGTCCCCCTAAG
GAAAAGCCTGATCCATATGCAAAGTTTAACTTCTGGAATGTGGACCTTACAGAACGACTT
TCCCTGGATTTGGATCAATATTCATTAGGCAGGAAGTTCTTGTTTCAAGCAGGTTTGCAA
CAGACGACCGTAAATGGTACAAAATCTATATCTAGGGGCTCCGTCAGGGGCACAAAACGA
AAACGGAAAAATTAGATTGTACCGTTTTTCGGTACAAAACATAAACTTTTACACAGTATT
CAAGGAATGTTTGTATTCTGACTCAGCATCTACCTAAGAAACCGACCGCACCCG
GTACATAAAGGTGAGTAGTTGCCAAAACAGACTCAGTTTAGTGCCAGAATAGACCATGTT
CGTTCAAACATGCTCGGATTAGGTGCGCTGCCAAGGAAGTATTGATCTTGCCAATCTATT
TTGGCAGCGCTTTTGGCATCTCCAACGGACCGTT

>gi|1020290|gb|U31794.1|HPU31794_Human_papillomavirus_type_66,_complete_genome
GAAAGTTTCAATCATACTTTATTATATTGGGAGTAACCGAAATGGGTTTAGGACCGAAAA

CGGTACATATAAAAGGCAGCCTGTTGTGCCTGTAGATATCCATGGATTCCATATTCAGCA
ATACACAGGAACGTCCACGAAGCCTGCACCATCTGAGCGAGGTATTACAAATACCTTTAC
TTGATCTTAGATTATCATGTGTATACTGCAAAAAGGAACTTACAAGTTTAGAGCTATATA
GGTTTGCATGTATTGAGTTAAACTAGTATATAGAAACAATTGGCCATATGCAGTATGTA
GGGTATGTTTATTGTTTTATAGTAAGGTTAGAAAATATAGGTACTATAAATATTCAGTGT
ATGGGGCAACATTAGAAAGTATAACTAAAAACAGTTATCTGATTTATCAATAAGGTGCT
ACCGATGTCAATGTCCGTTAACACCGGAGGAAAAACAATTGCACTGTGAACATAAAAGAC
GATTTTCATTATATAGCATATGCATGGACCGGGTCATGTTTGCAGTGTGGAGACATACGA
GTAGACAAGCTACAGAATCTACAGTATAACCATGCATGGTAAAGTACCAACGTTGCAAGA
GGTTATATTAGAACTTGCACCGCAAACGGAAATTGACCTACAATGCAATGAGCAATTGGA
CAGCTCAGAGGATGAGGATGAGGATGAAATAGACCATTTGCTGGAGCGGCCACAGCAAGC
TAGACAAGCTGAACAACATAAGTGTACCTAATTCACGTACCTTGTGTAAAGTGTGAGTT
GGTGGTGCAGTTGGACATTCAGAGTACCAAAGAGGAGCTACGTGTGGTACAACAGCTGCT
TATGGGTGCGTTAACAGTAACGTGCCCCTCTGCGCATCATCTAAATAACTGCAATGGCA
TCACCTGAAGGTACAGATGGGGAGGGGATGGGATGTTGTGGATGGTTTCAGGTAGAAGCA
ATTGTAGAAAAGAAAAACGGGGGATACAATATCAGATGATGAAAGCGAGGAGGAGAATGAA
ACAGATACAGATGTAGATGGATTTATAGACAATACACTTATAAACAATACACAGGAAGAC
AGGGAGACAGCTCAACAATTATTGCAAGTACAAACAGCACATGCAGATGCACAGACGTTG
CAAAAACTAAAACGAAAGTATATAGGTAGTCCCTTAAGTGATATTAGTAATCAGCAAAC
GTGTACCGGAGGAAAGTAAAACGAAGGCTAATATTATCAGAAGACAGCGGGTATGGCAAT
ACATTGGAAACATTGGAAACATCACAACAGGTAGAATACGAAAAGGGAAATGGGTGCGGG
AGCTCACAAAAATGGAGGCTCGCAAAACAGTAATTGTAGTGAGCACTCGGTATCAAATATG
GATATAGATACAAATATGGAAACACCAACACACCAATTGCAGGAACTATTTAAAAGTAGT
AACGTACAAGGAAGATTACATTTTTAAATTTAAAGAAGTGTATGGAGTGCCATATACAGAG
TTGGTGCGAACATTTAAAAGCGATAGTACATGTTGTAACGATTGGATATGTGCAATATTT
GGCGTTAATGAAACATTAGCAGAGGCGTTAAAACTATACTAAAACCACAATGTGTGTAC
TATCATATGCAATGCTTAACATGTTTCATGGGGAGTAATTGTAATGATGCTAATTAGATAT
ATATGTGGAAAAAATAGAAAAACAATTACAAAATCGCTAAGCTCAATTTTAAATGTACCA
CAAGAGCAAATGTTAATTC AACCCACCAAACTACGAAGTCCTGCTGTAGCATTATATTTT
TATAAAACAGCAATGTCAAATATTAGTGAGGTGTATGGGGAAACACCAGAATGGATACAA
AGACAGACACAATTGCAACACAGTTTACAAGACAATCAATTTGAATTGTCTAAAATGGTA
CAGTGGGCATTTGATAATGAAGTAACAGATGATAGCCAAATTGCCTTTTTATATGCACAA
CTAGCAGACATAGATAGCAATGCACAAGCATTTTTTAAAAGTAATATGCAAGCAAAATAT
GTAAAGGATTGTGGAATAATGTGTAGACATTACAAAAGGGCACAGCAACAGCAAATGAAT
ATGTGCCAGTGGATAAAGCATATATGTAGTAAAGTAGATGAAGGGGGTGATTGGAAACCC
ATTGTGCAATTTTTTACGATATCAAGGGGTCGACTTCATTTTCATTTTTTAAGTTATTTTTAA
TTATTTTTTACAAGGAACGCCTAAACATAATTGTTTGGTACTGTGTGGACCACCAAATACA
GGTAAATCATGTTTTTGCTATGAGCCTTATAAATTTTTTCCAAGGGTCAGTCATTTTCATTT
GTTAATTCACAAAGCCACTTTTTGGTTACAGCCACTAGACAATGCCAAATTAGGTTTGCTG
GATGATGCAACAGATACGTGTTGGAGATACATAGATGATTATCTAAGAAATTTATTAGAT
GGGAATCCCATAAGTTTAGATAGGAAACATAAACAATTAGTACAAATAAAATGTCCTCCA
GTTATTATTACAACATAATGTAAATCCTATGCAAGATGCAAAATTAAGATATTTACACAGT
AGAATTTCAGTGTTTTAAGTTTGGAAATCCATTTCCATTAGATAACAATGGTAATCCTGTG
TATGAATTAAGTAATGTAAATTGGAAATGTTTTTTTGAAGGACATGGTCCAGATTAAAT
TTGGATAACGACGAGGACAAAGAAAACAATGGAGACTCTATCCCAACGTTTAGATGCGTG
CCAGAACAAAATACTAGACTGTTATGAAAAAGATAGTAAATGCATTATAGATCACATAGA
CTATTGGAAAGCTGTACGACATGAATATGTATTATATTATAAAGCAAGAGAAAATGACAT
TAATGTACTAAACCACCAGATGGTGCCCTCTTTACAAGTGTGTAAAGCAAAAGCATGTAG
TGCAATAGAATTACAAATAGCACTGGAAGCAATAAGTAACACAATATATAAAAAATGAAGA
GTGGACATTACGTGATACATGTGATGAACCTGTGGCGCACGGAGCCTAAAAACTGTTTTAA
AAAAGAAGGACAACACATAGAAGTGTGGTTTGATGGTAACAAAAATAATTGTATGGAATA
TGTGGTGTGGAAATTTATATATTATAATGGAGAGTGTGGGTGGTGTAAAGTGTATCAGG
GGTGGATTACAGAGGCATATATTATATGCATGATGGCCACAAAACATATTACACAGACTT
TGAACAGGAGGCCAAAAAATATGGGTGTACAAACATATGGGAAGTACATATGGAAACCGA
GAGTATTTACTGTCCTGACTCTGTGTCTAGTACCTGTAGATACAACGTACCCCCCTGTTGA

GACTGTTAACGAATACAACAACCACAGGACCACCACCACCGCCTCCACCTTTGTGGGCGC
CCAAGACGCCGCGGTATCCCACAGACCAGGAAAACGACCCAGAGCAAGTGAATCAGAACC
TGACTCCTCCAGAGAGTCCTACGCACACTGTGTCAACAGACACAGACATCAGTAACAA
CGCCAACAGTAGAAGTCCACGTATCAACACACAAAGCCACTGTGGTGATAAAACTACGCC
TGTAATCCATTTAAAAGGTGAAGCTAATAGATTAAAGTGTTGTAGATACAGATTTCAAAA
ATATAAAACATTATTTACAGATGTAACAACAACATATCATTGGACAAGTACAGATAATAA
AGACAGTAGTATTATTACAATATTATATAAAGATGAAACACAACGGGACACCTTTTTTAAA
TGTTGTAAAAATACCACCTAGTGTACAGGTTATTTTGGGACAAATGAGTTGTCCATAAAG
TGTTGTATATATTGTATATACATATGTGTTATTGTAACACTGGTACAGGTGAAGTGTAAAT
TGCCATACATTGCTGCTAAGCATATATATTGCACCCATTAATTGTATTTGGTATATTATG
TGTTATTGTAACACTGGGAAAGGTAACGTGTAATCGCCATATATTGCAACCATTGATTTT
TGTGTAATTTGTGTGTTTGCCTTTTGTGTTTGTCTGTGTGTGTGCCATTTTGTCTC
CCGCTTTTGTCTATCTGCATCTTTATTTACAAGTTGTCTTATACTAATTATTTTATTTTGG
TTTGTGTGGCTACATCATTTTTTGTACTTTTATACTGTTTTTACTATTTTTTTATATA
CCTACACTGTGTATATATTGCCATGCTTTGTGGTTAATAAACCATTTGTAACAGTAGTAA
TTTTTGTACTATGGTTGCCCACCGTGCCACACGACGCAAACGCGCATCTGCCACACAAT
TATATAAAACATGCAAATTATCTGGTACATGTCTGAGGATGTTATTAATAAGGTGGAGC
AAAAAACATGGGCTGATAGGATTTTACAATGGGGAAGTTTATTTACATATTTTGGGGGGC
TTGGCATTGGTACTGGGTCTGGGTCTGGGTGGTTCGGGCGGGCTATGTTCCCTTAGGCTCTA
GGCCTTCTACTATAGTTGATGTCACCTCTGCACGACCACCTATTGTGGTGGAGTCAGTTG
GGCCTACAGATCCTTCTATTGTTACACTGGTAGAAGAATCTAGTGTTATTAACTCAGGGG
CTGGTGTTCCCAATTTTACTGGGTGAGGGGATTTGAAGTTACATCCTCTTCCACAACCA
CACCTGCTGTGTTGGATATTACACCCACATCTAGTACTGTACATGTAAGTAGTACTACTA
TAACAAAACCACTATATATTGATCCTCCAGTAATTGAGGCTCCACAAAACCTGGAGAGGTAT
CTGGTAATATTTTGTATTAGCACTCCTACATCTGGAATACATAGCTATGAGGAAATACCTA
TGCAAAACATTTGCTATACACGGTACTGGCAACGAACCTATTAGTAGTACCCCTATTCCAG
GTTTTAGACGCCCTTGCTGCTCCCAGGTTATATAGTAGGGCTTTTACAGCAGGTTAGGGTCA
CTGACCCAGCATTTTTTGGACAACCCCAACATTAATATCTGCTGATAATCCTGTTTTTTG
AAGGTGCTGACACAACGTTGACCTTTTCTCCCTCGGGTGTGGCTCCTGATCCTGATTTTA
TGGATATAGTTGCATTACATAGGCCTGCATTTACTACACGTAGAACAGGTGTGCGTTTTTA
GTAGGCTAGGCAAAAAGGCTACCATGCAAAACACGTAGGGGTACGCAAATAGGTGCTCGTG
TGCATTATTATTATGATATAAGTCCTATTGCACAGGCTGATGAAATTGAAATGCAGCCAT
TATTGTCTACAGACAATTCATTTGATGGCCTATATGATATTTATGCAAATATTGATGATG
AGGCACCCATTTTCATTTCTGTCAGTCTGGTGCTACACCTTCTGCACAATTACCTATTAAAC
CTTCTACATTATCCTTTGCTAGTAACACAGCTAATGTTACTGCCCCCTTTGGGAAATGTTT
GGGAAACACCATTTTTATTTCAGGTCCTGATATAGTTTTTACCTACAGGCCCCAGTACTTGGC
CCTTCGTACCTCAGTCTCCTTCTGATGTTACACATGATGTATATATACAGGGAGCTACAT
TTGCACTATGGCCTGTATATTTTTTTTAAACGTAGGCGCCGTAAACGTATTCCCTATTTTT
TTGCAGATGGCGATGTGGCGGCCTAGTGACAATAAGGTGTACCTACCTCCAACACCTGTT
TCAAAGGTTGTGGCAACGGATACATATGTAACCGTACCAGTATATTTTATCATGCAGGT
AGCTCTAGGTTGCTTGCTGTTGGCCATCCTTATTACTCTGTTTCCAAATCTGGTACCAA
ACAAACATCCCTAAAGTTAGTGCATATCAGTATAGAGTGTTTAGGGTACGGTTGCCTGAT
CCTAATAAGTTTGGCCTTCCTGATCCATCTTTCTATAATCCTGACCAGGAACGTTTGGTA
TGGGCCTGTGTAGGTTTGGAGGTAGGCCGAGGTCAACCTTTAGGTGCTGGGTAAAGTGGT
CATCCATTATTTAATAGGCTGGATGACACTGAGGTCTCTAATTTAGCAGGTAATAATGTT
ATAGAAGATAGCCGGGACAATATATCTGTTGATTGTAAACAAACCCAGTTATGTATTGTG
GGATGTGCACCAGCATTTAGGGGAACATTGGACTAAGGGCGCGGTGTGTAAGTCTACACCA
GGTAATACAGGGGATTGTCACCTCTTGCAATTAGTTAATACCCCGATAGAGGACGGTGAC
ATGGTGGACACCGGGTTTGGTGCAATGGCACTTTAAGCTATTACAGGAATCAAAGGCTGAG
GTGCCATTGGACATTGTACAATCTACATGTAATAATATCCTGATTATTTAAAAATGTCTGCA
GATGCCTATGGGGATTCTATGTGGTTTTACTTACGCAGGGAACAATTGTTTGCCAGACAT
TACTTTAATAGGGCAGGTAATGTTGGGGAAGCCATTCCCTACAGATTTGTATTGGAAGGGT
GGCAATGGCAGGGACCCTCCTCCCAGTTCTGTATATGTTGCTACTCCTAGTGGGTCCATG
ATTACCTCTGAGGCCCAATTATTTAATAAACCTTATTGGTTGCAACGTGCACAGGGCCAT
AATAATGGCATATGCTGGGGTAATCAGGTATTTGTTACTGTTGTGGATACTACCAGAAGC

ACCAACATGACTATTAATGCAGCTAAAAGCACATTAACATAATATGATGCCCGTGAAATC
AATCAATACCTTCGCCATGTGGAGGAATATGAACACAGTTTGTGTTTCAACTTTGTAAA
ATAACCTTAACCTGCAGAAGTTATGGCATATTTGCATAATATGAATAATACTTTATTAGAC
GATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAGGTAT
ATTAAGAGCACAGCTATTACATGTGAGAGGGAACAGCCCCCTGCAGAAAAGCAGGATCCC
CTGGCTAAATATAAGTTTTGGGAAGTTAATTTACAGGACAGCTTTTCTGCAGACCTGGAT
CAGTTTCCCTTTGGGTAGAAAATTTTAAATGCAACTAGGCCCTAGACCCCTAGACCCAAG
GCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCTCTTCTCTTCTTCCACCAGCT
AAACGTAAAAAACGATAGTTGTGTGTTGTGTGTTGTATGTATTGTATGGTTGTGCTTGTA
CTGTATGTTTTTGTGTATGTTTATGTATTTTATAATTGTGTATGTGCTATGTGTATGTAT
GACTGTATGTATGTGAATGTTTTGTGTGTATGTAATAAACATGCATGGTTACTTTTACG
CGTGGTTGCATAAACTAAGGTGCGGTAGTATCCTTGGGCAGTGTGTGTCAGGTTAGGTGG
TGTTCCCTTACTGTTTAAATGTTATATTAATAAGGTTGTTTGTATGCACTATAGTAACACAC
CAAACCTCCATTTTAGTGCTGTACGCCATTTTATGCATGCAACCGAATTCGGTTGCCTAGC
CTTTTGTCCCTATTTAAACCCAAAACGACTTTTTCAGCAAAACAGTTAATCCTTTGGCATA
TTGCCGTTTCCCTGTTGTATGATTACAGGTATGTACACTGCCTTACCCTGTATTACTCACCT
GTATTTCTGTGCCAACTATGCTTTTATCTGCATACTTTGGCGCTGTTGGGCATATGTTTT
TATGCAGGTGTTTGCATATATTTTGTGGCGTGTAGCCCTTATTGTATAAGCCAAGTAT
CTGTCTTGCAAAATATGTAACCATATACTTACTCATTTTACAAAACCGTTTACGGTCTGTC
TAAACAGGTTTCTTTTAAATTGTT

>gi|1020266|gb|U31791.1|HPU31791_Human_papillomavirus_type_55,_complete_genome
TAATAATAATGTAAGCTTTAGAAAAGAGGAGGGACCGAATTCGGTTCCAACCGAAAACGG
TTATATAAAAAACCAGCCCCAAAATTAAGCAAGCGGGGCATAATGGAAAAGTGCAAATGCCT
CCACGGCTGCACAAAGTATAGACCAGTTGTGCAAGGAGTGCAACATTCCATATGCACCATT
TGCAAATTTTATGCGTGTTTTGCAGAAAAACCTTGACCACTGCAGAGGTTTATTCATTCTG
CATATAAACAGTTATATGTAGTGTTTCGAGGTAACTTTCCATTTGCAGCCTGTGCCATTT
GTTTAGAACTACAAGGTAAGGTCAATCAATTTAGGCATTTTGACTTCGCGGGATATGCAT
TAACAGTGGAAGAAGAGACAAAGCAGTCAATTTTGGACGTGTTTATACGCTGTTATTTGT
GCCACAAACCATTGTGCCACGTGGAAAAGGTGCGCCACATATTGGAGAAGGCGCGATTTA
TTAAATTACAGAATACCTGGAAGGGTCGCTGCTTCCATTGCTGGACATCATGCATGGAAA
CTATCCTACCTTGAAGGAAATTGTTTTAGAGCTGGATCCTCCTGACCCTGTAGGCCTACA
TTGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAGGATGAGGTGGATGAACTAGCCACGCAGGCCAC
GCAAGACGTTACACAGCCTTACCAAATAGTAACCACCTGTGGTACATGTAACCGGAACGT
TCGGCTGGTTGTGCAAGTGCACAGGAACAGACATCTGTCAACTACATACGCTTCTGCTGGG
TTCCTGGAATACTGTGTCCTGTGTGTGCGCCCAAAACTAACAACGATGGCAGACAAT
ACAGGTACAGAGGGGACGGGGTGCTCAGGATGGTTCTTAGTAGAGGCTATAGTGGAGAAA
ACAACCTGGGCAACAAATATCTGAGGATGAGGATGAGGCAGTGGACGATAGTGGGTTGGAT
ATGGTGGACTTTATAGATGACAGGCCTATTACACACAATTCCATGGAAGCACAGGCATTG
TTAAACGAGCAGGAGGCGGATGCTCATTATGCGGCTGTGCAGGACCTAAAACGAAAGTAT
TTAGGTAGTCCATATGTGAGTCCTTTAAGCAATATTAAGGAGGCAGTGGAGTGTGACATT
AGCCCACGGTTGGATGCCATAAAATTAAGTAGACAACCCAAAAAGGTAAAGCGGCGGCTG
TTTGAAAAGACCAGAAATTAACGGACAGTGGATATGGCAATATTGATGTGGAAGCTGAAACG
CAGGTAGAGAGAAATGGCGAACCAGGAAGATTGTGGGGGAGGTGGACAAGGAAGGGACACA
GAGGAGGGGGTGGAACAGGTGGAAACGGAAGTGCAGACACATAGCGACACACAGCTGCAC
ACCGAGACCACGCGGTAGTAGAACTGTTAAAATGTAAGAATATACGGGCTACACTGCTT
GGTAAGTTTAAGGACTGTTATGGGTTATCATATACAGATTTAATTAGACAATTTAAAAGT
GACAAGACAACATGTGGGGACTGGGTGATTGCAGCATTGTTGGGGTGCACCATAGTGTATCG
GAGGCGTTTCAAAATTTAATACAACCAGTAACAACATATAGCCACATACAATGGCTTACA
AATGCAATGGGGAATGATATTACTGGCATTATTACGGTTTAAAGGTAAATAAAAAACAGATGT
ACAGTGGCAGCAGTATGGCAACACGTTTAAATATACCTGAGGATCATATGTTAATTGAA
CCTCCTAAAAATACAAAGCGGTGTTGCAGCATTATATTGGTTTAGAAGTAGTATATCCAAT
GCCAGTATAGTTACTGGAGAAACGCCTGAATGGATAACAAGGCAAACCATTTGTAGAACAT
GGGCTTGGTGACAACCAATTCAAATTAACAGAAATGGTGCAATGGGCATATGATAATGAC
TTTTGTGAGGAAAGTGAAATTGCATTTGAATATGCACAACGTGCAGATATAGATGCAAAT
GCAAGAGCATTTTAAATAGTAATTGTCAGGCAAAATATGTAAAAGATTGTGCTACAATG

TGCAAGCACTATAAACTGCAGAAATGAAAAAATGAGTATGAAACAGTGGATAAAATTT
AGGAGCAGTAAATATGAAGAAACAGGCAATTGGAAACCAATAGTTCAATTTTAAAGATAT
CAAAATATTGAATTCATTCCATTTTAACTAAATTGAAAATGTGGCTGCATGGGACACCT
AAAAAAACTGTATTGCAATTGTAGGACCACCAGACACAGGGAAATCGTGTTCGTATG
AGTTTAATTAAATTTTTAGGAGGCACTGTAATTAGTTATGTAACTCTAGTAGTCACTTT
TGGCTACAGCCCCATGCAATGCAAAAGTAGCATTGTTAGACGATGTAACACAATCGTGC
TGGGTATATATGGATACATACATGAGAAACCTATTAGATGGAAACCTATGACTATTGAC
AGAAAACACAAATCATTAGCATTAATAAAATGTCCGCCATTAATAGTAACATCTAACATA
GACATTACTAAAGAAGATAAATATAAAATATTTATGTAGCAGGGTAACATTATTTACATTT
CCAAATCCATTCCCCTTTGACAGAAATGGGAATGCACTATATGACCTGTGTGAATCAAAC
TGGAAATGTTTCTTTGCAAGATTATCAACAAGTCTAGATATACAAACATCTGAGGACGAG
GACGATGGAGACAATAGCCAAGCATTTAGATGTGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTA
TGAAGAAAATAGTAATAACCTTACAAAACATATACAACATTGGAAATGCATAAGATATGA
ATGTGTGTTATTACACAAAGCAAAGCAAATGGGCCCTAAACCACATTGGAATGCAAGTGGT
GCCAGCATTAACAGTGTACAGACAAAGGGACACCAGGCCATTGAAATGCAAATGACATT
AGAAACACTATTAACTCTGACTATGGTATGGAACCATGGACATTGCAAGACACAAGTCG
TGAAATGTGGTTAACAGCACCCAAATACTGTTTTAAAAAACAGGGACAACTGTGGAAGT
AAAATATGACTGCAATGCAGACAACATTATGGAGTATGTATCGTGAAATATATTTATGT
GCTGACACAGACAAATGGGTAAAAGTGACAGGACACATAGACTATAAAGGGTTGTATTA
TGTATGCGGGCATAAAACCTATTATACCAATTTTGAAAAGAGGGCTAAAAAATATGG
GAACTCATTAACAATGGGAGGTCTGTATTGTTAGCAGTGTATATGTTCTCTGCATCTAT
ATCTAGTACTGTGAAGACGTATCCATTGCTGGGCCTGCTTCACACACCTCCTCCTCCAC
CACCACCACCTTGACAGGCCTCACCTGCACTGCCCACCTGCACCTCCGAGGAACGCGT
GGACCCGCCGCCATGTAAACGACCCCGAGGACCCACCACAAACACCAACAACGCCAGGGA
CACCGTCAGTGTCCGACACAGCGACTCCGTGGACAGTACAAACAACAACATCTACCCTAA
CAGTTACAACAGTAACAAAGGACGGGACAACAATTTTTGTACAGCTACGCCCTGTAGTTCA
ATTACAAGGTGATCCTAATTGTTTTAAAGTGTTTAAAGATATAGATTACATGCAAAGCATAA
AACATTGTTGTAGCAGCATCGTCCACATGGCGCTGGACATGTTTACAGATACTTCCAGTAA
ACATGCACTGGTAACATTAAACATATGTTAATGAAGAGCAACGTGAGCAGTTTTTAAACAC
TGTACGGTTACCTCCAACAGTTACATATAAAGTTGGATATATGTCTTTACAATTGTTATA
ATGCTTATTGTATATATTTAATTGTATAAATGTACATGGAACATATACCTATAGATGGT
ACTATAGGGGCAACCAGCACATCATTACTGCCAGTTGTACTTGCCCTGTTTGTATGTTTT
GTTAGCATTTGTATTAATTATTTACATTTCTGATTTTATAGTGTACACATCTATATTGGTA
CTAACCTTACTGCTATATATGTTACTTTGGCTTTTACTAACCCTGCCCCTGCAATTTTAT
GTACTAACACTGTGTGTCTGCTTTTTTCTGCGTGGTATCTACATTTCTATATTGTACAT
ACACAAGAATAACTATTACAATGCTAACATGTACCTTTGATGATGGTGATACATGGTTGT
TATTATGGTTTTATATTAACCTTAATTGTTACCATTGTGGCATTGTTATTAATGCACTTTA
AATCTGTACCATGTGTTACATGCAGTAAATAAGTGTGTTGTAAACGTGGTGTGGTTGGTAT
AATTATGGCACACAGCAGGGCACGTAGACGTAAACGTGCCTCAGCTACCCAATTATATCA
AACCTGTAAGGCTGCAGGCACCTGTCCATCTGATATTATTCCTAAAGTTGAACATAACAC
TATTGCTGATCAAATATTAAAGTGGGGCAGTTGGGTGTTTTTTTTGGAGGACTGGGAAT
TGGTACAGGCTCTGGCACAGGTGGTGAACAGGATATATTCCTTTGCAATCTACCCACG
TCCTGAGATTCCCTCTGGCCCTACCACAAGGCCACCTATACTTGTTGATACAGTTGCACC
TGGTGACCCCTCTATTGTTTCTTTGGTTGAAGAATCTGCTATTATAAATTCAGGAGCTCC
GGAATTGGTCCCTCCGTCCCATGGTGGCTTTGAGATTACTACATCAGAATCCACCACACC
AGCCATATTAGATGTGTCTGTTACAACACATACTACCTCTACAAGTGTATTTAGAAACCC
TAGCTTTGCAGACCCATCTGTTGTACAGTCCCAGCCAGCCGTTGAAGCTGGTGGACACAT
ACTTATCTCTACCTCAACCATATCGTCCCACCCGTGTAGAGGAAATACCATTAGATACATT
TATAGTATCTTCTTCAGATAGTAATCCATCTAGCACTCCCATCCAGCATCTGGTGC
ACGACCAGTATTGGCCTATACAGTAAGGCTTTACACCAGGTACAGGTAACGGATCCCGC
CTTTTTGTCTCTCCCAACGCCTTATAACATTTGATAATCCTGCATATGAAGGGGAAGA
TGTTAGTTTTGGAGTTTGCACACAATACTATACATCAGCCTCCAGATGATGCGTTTTATGGA
TATTATACGATTGCACAGACCAGCTATACAATCTCGGCGTGGTCGTGTGCGGTTTTAGTAG
AATAGGACAACGGGGGTCTATGTACACACGTAGTGGTAAACATATTGGTGGCAGGATACA
TTTCTATCAAGACATATCTCCTATATCTGCTGCTGCAGAAGAAATAGAACTGCACCCTCT

TGTGGCCACTGCACACGATACTAGCCTGTTTGATATTTATGCAGAACCTGACCCTGACTT
TACAGAAGAACCTGTTCCATTGTCTTTTTCCACCTCCACGCCCTTTCAGCGGTCTTCTGT
GTCAGCCACCCCATGGGGCAATACTACTGTCCCTCTTTCATTACCTGGTGACATGTTTGT
ACAGCCTGGTCCTGACATAATATTTCTACTGCATCCACTACAACCTCCCTATAGTCCTGT
CACTCCTGCTTTACCTACAGGTCTGTTTTTATAAGTGGTGCTACATTTTATTTATATCC
TGCATGGTATTTTGCACGCAAACGCCGTAAACGTGTTTCCTTGTTTTTGCAGATGTGGC
GGCCTAGTGAAAACCAGGTATATGTGCCTCCTCCCGCCCCAGTATCCAAAGTAATAACTA
CGGATGCCTATGTCAAACGCACCAACATAGTTTACCATGCTAGCAGTTCTAGACTTCTTG
CTGTAGGCAACCCCTTATTTTTGCCATACGACCAGCAAACAAGACACTTGTGCCTAAAGTTT
CAGGATTTCAATATAGGGTTTTTAAAGGTGGTATTGCCAGACCCTAATAAAATTTGCATTAC
CTGACACATCTATATATGACCCTACTACGCAACGCCTGGTATGGGCCTGCATTGGGTGG
AAGTGGGTAGAGGCCAGCCCCTGGGTGTTGGTATTAGTGGGCATCCATTATTAACAAAT
TGGATGATGTGGAATTTCTGCTAGTTATGCAGCCAGTCCAGGTGAGGACAACAGGGTAA
ATGTGGCCATGGACTATAAACAAACACAATTATGTTTAGTTGGCTGTGCACCCCCATTGG
GGGAGCATTGGGGTAAGGGCAAGCCATGTAATAATGGTAGTGTAATAGCGGAGACTGCC
CTCCCCTGGAATTAATTACTAGTGTTATCGAAGATGGTGATATGGTGGACACTGGTTTTG
GAGCCATGAATTTTCGCTGAATTGCAACCAAATAAATCTGATGTTCCCTTAGATATATGCA
CTGCTACATGCAAATATCTGACTATTTACAAATGGCTGCTGATCCATATGGGGACAGAT
TGTTTTTTTACTTACGAAAGGAACAAATGTTTGCAAGACATTTTTTTAATAGGGCGGGAA
CGGTTGGAGAGGACATCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGTTC
CTAATGCCATATACTTTTAATACACCCAGTGGGTCTCTTGATCTTCTGAAACCCAATTAT
TTAATAAGCCTTTTTGGTTGCAAGGGCGCAGGGCCACAATAATGGTATTTGTTGGGGGA
ATCAGTTATTTGTTACTGTTGTAGATACTACACGTAGTACAAACATGACAATATGTGCTG
CTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAATATAAAACAATACATGCGAC
ATGTTGAGGAGTTTGACTTACAGTTTATGTTTCAATTATGTAGTATTACCTTAACTGCTG
AGGTAATGGCCTATTTACATACCATGAATCCTGGTATTTTGGAAACAGTGGAACTTTGGGT
TGTCGCCACCCCCAAATGGTACCTTAGAAGACAAATACAGATATGTGCAGTCACAGGCCA
TTACATGTCAAAAGCCTCCCCCTGAAAAGGCAAAGCAGGACCCCTATGCAAAATTAAGTT
TTTGGGAGGTAGATCTCAGAGAAAAGTTTTCTAGTGAGTTAGATCAATATCCCCTTGGTA
GGAAATTTTTATTGCAAACGGGTGTGCAGGCCCGGTCTCTGTTTCGTGTGGGTAGAAAAC
GTCCTGCATCTGCAGCCACTTCATCCTCCAGTAAACCCAAACGGTCTAGGAAGAAGTAGT
ATGTGTTATTGTTTTGTTTGTGTATGTGTGTCATATGTTATTGTTTGTATATGTGTTGT
ATTGTATATATGTTGTATGTCTATGTTGTGTAATGTTGTATGTATGCATGTGTGTGTTGT
ATTTAATAAACTTAATCTGTGTGTCTGTTCCACCCCATGAGTAAGTGTTGTAGTATTGT
GTGTTATGTCTGGTGTATACAATATACAACATATGTACAGCCATGTTGTTTTATAAAACA
CATTTTTTAAACATATTCCTCCATTTTGGGTGCAACCGTTTTTCGGTTGTTACTCATCACC
ACATCCTGTAACCAATTTGTTGTAGCAAGCAAAATATTTAATCTTATCTATAGTTGCCAA
AACTTTACTATGTTACTAAGTACACACCTGGCGCACAGCTAGGCGCGGTTTGGCAACTAC
ACAATACATTCCTAATCTATATAACACTGCTGTCTACTTGTTTAAACAATCGTGTGCTGGT
AGCCAACTTTTAAAAGCATTTTTGGCTACTAACACTACATTTTTGTACAGTTACTGTTAG
TTTTATAAAATGAGTAACCTAAGGTACACACCTGCAACCGGTATCGGTTGAAACACACC
CTGTACATTTCCCTTATTATAGT

>gi|1020242|gb|U31788.1|HPU31788_HumanPapillomavirus_type_44,_complete_genome

TTAATAATAATCTAACCTTTACAAAAAAGAGGAGGAACCGAATTCGGTTCCAACCGAAAA
CGGTTATATAAAAACCAGCCCAAAAATTAAGCAAGCGGGGCATAATGGAAAGTGCAAATG
CCTCCACGTCTGCACAAAGTATAGACCAGTTGTGCAAGGAGTGCAACATTCCTATGCACA
ATCTGCAAATTTTATGCGTGTTTTGCAGAAAAACGTTAAGTACTGCAGAGGTTTATTCAT
TCGCATATAAACAGTTATATGTAGTGTACCGAGGAAACTTTCCATTTGCAGCCTGTGCCA
TTTGTTTAGAATCAAGGTAAAGTCAATTTAGGCAATTTAAGTACGCGGGATATG
CAGTAACAGTGAAGAAGAAGAAACAATAAGTCAATTTCTGGACGTGCTGATACGCTGCTATT
TGTGCCACAAACCATTTGTGCCACGTGGAAAAAGGTGCGCCACATATTGGACAAGGCGCGAT
TCATTAAATTACAAGATACCTGGAAGGGTCGCTGCTTCCATTGTTGGACATCATGCATGG
AACTATACTACCTTAAAGGAAATTGTTTTACAGCTGGAACCTCCTGACCCTGTAGGCCT
ACATTGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAAGATGAGGTGGATGAACTAGCCACGCAAGC
CACGCAAGACGTTACACAGCCTTACCAAATAGTAACCACCTGTGGTACATGTAGTCGGAA

GGTTCGGCTGGTTGTGCAGTGCACAGGAACAGACATCCATCACCTACATACGCTTCTGCT
GGGTTCACCTGGATATATTGTGTCTGTGTGTGCGCCCAAAACCTAACAACGATGGCTGAC
AATACAGGTACAGAGGGAACGGGATGCTCAGGATGGTTTCTAGTAGAGGCTATAGTGGAG
AACACAACCGGGCAACAAATATCAGAGGATGAGGATGAGGCAGTGGAGGATAGTGGGTTG
GATATGGTGGACTTTTATAGATGACAGGCCTATTACACACAATTCCATGGAAGCACAGGCA
TTGTTAAACGAGCAGGAGGCGGATGCTCATTATGCGGCTGTGCAGGACCTAAAACGAAAG
TATTTAGGTAGTCCATATGTTAGTCCTTTAAGTAATATTGAGCAGGCAGTGGAGTGTGAC
ATTAGCCCACGGCTGGACGCTATAACATTAAGTAGACAACCAAAAAAAGTAAAGCGACGG
CTGTTTGACAGACCAGAATTAACGGACAGTGGATATGGCAATACTGAAGTGGAAGCTGAA
ACGAGGTAGAGAGAAATGGCGAACCGGAAGATTGTGGGGGAGGTGGACAAGGAAGGGAC
ACAGAGGGGGTGGAACAGGTGGAAACCGGAAGTGCAGACACATAGCAACACACAACAGCAC
ACCGGGACCACGCGGGTACTAGAACTATTGAAATGTAAGAATATAAGGGCTACACTGCTT
GGTAAGTTTAAAGGATTGCTATGGGTATCATATACAGATTTAATTAGACAATTTAAAAGT
GACAAGACAACATGTGGGGACTGGGTAATTGCAGCCTTTGGGGTGCACCATAGTGTGTCA
GAGGCGTTTCAAAATTTAATACAGCCAGTAACAACATATAGCCACATACAATGGCTTACA
AATGCATGGGGAATGGTCTTACTGGCATTAGTAAGGTTTAAAGTAAATAAAAAACAGATGT
ACAGTGGCACGTATGATGGCAACCCGTTTAAATATACCTGAGGACCACATGTTAATTGAA
CCTCCTAAAATACAAAGCGGTGTTGCAGCGTTATATTGGTTTAGAAGTGGTATATCCAAT
GCCAGTATAGTAACCTGGAGAAACACCGGAATGGATAACAAGGCAAAACCATTTGTAGAACAT
GGGCTTGCAGACAACCAATTTAAATTAGCAGACATGGTTCAATGGGCATATGATAATGAC
TTTTGTGAGGAAAGTGAATTTGCATTTGAATATGCACAACGTGCAGATATAGATGCCAAT
GCCAGAGCATTCCTAAATAGTAATTGTCAGGCAAAATATGTAAAAGACTGTGCCACAATG
TGCAAGCACTATAAACTGCAGAAATGAAAAAATGAATATGAAACAGTGGATAAAATTT
AGGAGCAGTAAATTTGAAGACACAGGAAATTGGAACCAATAGTGCAATTTTTTAAGACAC
CAAAACATAGAATTTATTCGGTTTTTAACTAAATTAAGATGTGGCTGCATGGTACACCA
AAAAAAAACGTATTGCAATAGTGGGCCACCAGACACAGGTAAATCGTGTTTTTGTATG
AGTTTAATTAATTTCTTAGGAGGCACTGTAATTAGTTATGTAACTCCAGCAGTCACTTT
TGGCTACAGCCCTTATGCAATGCAAAAGTAGCATTATTAGATGATGTAACCAATCCTGC
TGGGTATATATGGATACATATATGAGAAACCTATTAGATGGAAACCTATGACCATTGAC
AGAAAACACAAATCATTAGCATTAAATAAAATGTCCGCCTTTAATAGTAACATCAAACATA
GACATTACTAAAGAAGAGAAATACAAATATTTATGTAGCAGGGTAACATTATTTACATTT
CCAAATCCATTCCCCTTTGACAGAAATGGGAATGCACTATATGACCTGTGTGAAACAAAC
TGGAAATGTTTCTTTGCAAGATTATCATCAAGTCTAGATATACAAACATCAGAGGACGAG
GACGATGGAGACAATAGCCAAGCATTTAGATGTGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTA
TGAAGAAAATAGTAATAAACTTACAAAACATATACAACATTGGAAATGTATACGATATGA
ATGTGTGTTACTACACAAAGCTAAGCAAATGGGCCTGAACCACATTGGAATGCAAGTGGT
GCCAGCATTAGCAGTGTACAGACAAAGGGACACCAGGCAATTGAAATGCAAATGACATT
AGAAACATTACTAACTCTGACTATGGTACGGAACCATGGACATTGCAAGAGACAAGTCG
GGAAATGTGGTTAACACCACCCAAATATTGCTTTAAAAAGCAGGGACAACTGTGGAAGT
AAAATTTGACTGCAATGCAGACAATGCAATGGAGTATGTATGGTGGAAAAGTCATTTATGT
ATTTGACACAGACAAATGGGTAAAAGTGACAGGACACATAGACTATAAAAGGTTGTATTA
TGTACATGGTGGGCATAAAACCTATTATACAAATTTTGAAAAGGAGGCCGAAAAATATGG
GAACTCTTTACAATGGGAGGTATGTATTGGCAGCAGTATCATATGTTCTCCTGCATCTAT
ATCTAGTACTGTGCAAGACGTATCCATTGCTGGGCCTGCTTCACACTCCTCCTCCTCCAC
CACCACCACCTTGCACAGGCCTCATCCACACTGCCCATTTGGCACC GCCGAGGACTGCGT
GGACGCGCCGCCATGTAAACGACCCCGAGGACCCCCACAAACACCAACAACGCCAGAAA
CACCCTCTGTGTCAGAAACAGCGACTCCGTGGACAGTACAAACAACAACATCCTCCCTAA
CAGTTACAACAGTAACAAAGGACGGGACAACAATTATTGTACAGCTACGCCTGTAGTTCA
ATTACAAGGTGATGCTAATTGTTTAAAGTGTTTAAAGATATAGATTACATGCAAAGTATAA
AACATTGTTTGTAGCAGCATCGTCCACATGGCGCTGGACATGTTTCAGATACATCCAGTAA
TGCATTGGTAACTTAACATATGTTGATGAACAGCAACGCCAGCAGTTTTTTAAACACTGT
AAAGTTACCACCAAAAGTTACATATAAAAGTTGGATATATGTCTTTACAATTGTTATAATG
TGTGTTGTATATATCTAATTGTATATATTGTACATGGAACACATACCTATAGATGCTACT
ATAGGGGCAACCAGCACATCATTACTGCCAGTTGTAATTGCCCTGTTTGTATGCTTTGTT
AGCATTGTATTAATTATTTGTATTTCTGATTTTATAGTGACACATCTATATTGGTACTA

ACCTTACTGCTATATCTGTTACTTTGGCTTTTACTAACCTCTGCCCTGCAATTTTATTTA
CTAACACTGTGTGTCTGCTTTTTTCTGCGTGGTATATACATTTCCATATTGTACATACA
CAACAAGAATAACTATTACAATGCTAACATGTACGTTTGATGATGGTGATACATGGCTGT
TATTGTGGTTGTTATTAACATTAATTGTTACCATTATAGCATTGTTATTAATGCATTTAA
AACTGTACAATGCGTTACATGCAGTAAATAAGTATTTGTATATTTGGTGTGTATTGTAT
AAATATGGCACACAGTAGGGCACGTAGACGTAAACGTGCATCTGCTACCCAATTATATCA
AACATGTAAGGCTGCAGGCACCTGTCCCTCTGATATTATTCCCTAAGGTGGAACATAACAC
TATTGCAGATCAGATATTAAGTGGGGCAGTTTGGGGGTTTTTTTTTGGGGGACTGGGGAT
TGGTACAGGCTCTGGCACAGGCGGTAGAACAGGGTATATACCTTTACAATCCACCCCGCG
TCCTGACATTCCCTCTGTACCTACCGCAAGGCCACCTATACTTGTGTAAGTGTGACACC
TGGGGACCCGTCCTATTGTATCCTTGGTTGAAGAATCTGCTATTATAAAATTCGGGGGCCCC
GGAATTGGTCCCTCCTTCCCATGCAGGATTTGAAATCACTACATCTGAATCTACCACACC
AGCTATATTAGATGTGTCTGTACACACATACTACCTCTACAAGTGTATTTAAAAACCC
TAGCTTTGCTGACCCATCTGTTGTACAGTCGCAGCCTGCTGTTGAAGCTGGTGGCCACAT
ACTTATCTCTACCTCATCTATATCGTCCCACCCCTGTAGAAGAAATACCTTTGGATACATT
TATAGTATCTTCCCTGATAGTAATCCTGCATCTAGCACTCCCATTCCAGCATCTGGTGC
ACGGCCGCGTATTGGCCTATACAGTAAGGCTTTGCACCAGGTACAGGTAACGGATCCTGC
CTTTTTGTCTCTCCCCAGCGCCTAATAACATTTGATAATCCTGCATATGAAGGGGAGGA
TGTTACTTTACACTTTGCACACAATACTATACATGAACCTCCAGATGATGCGTTTATGGA
TATTATACGATTGCACAGCCGCTATACAGTCCAGGCGTGGTTCGTGTCGCTTTAGTAG
AATTGGACAACGAGGGTCTATGTACACACGTAGTGGCAAACATATTGGTGGCAGGATACA
TTTCTATCAAGACATTTCTCCTATATCTGCTGCTGCAGAAGAAATAGAACTGCACCCCT
TGTGGCCACTGCACAGGATAGTGGCCTGTTTGATATTTATGCAGAACCTGACCCCTGATGT
TACAGAAGAACCTGTTTCATTGTCTTTTTTCTACCTCCACACCCTTTTACGCGGTCTTCTGT
GTCAGCCACCCCATGGGGCAATACTACTGTCCCTCTTTCATTACCTGCTGACATGTTTGT
ACAGCCTGGTCCTGACATAATCTTTCCTACTGCATCCACTACAACCTCCCTATAGTCCTGT
CACTCCTGCTTTACCTACAGGTCTGTTTTTATAAGTGGTGTGCTGCATTTTATTTATATCC
TACATGGTATTTTGCACGCAAACGCCGTAAACGTGTTTCCTTGTTTTTTGCAGATGTGGC
GGCCTAGTGAAAACCAGGTATATGTGCCTCCTCCCGCCCCAGTATCCAAAGTAATACCTA
CGGATGCCTATGTCAAACGCACCAACATATATTACCATGCTAGCAGTTCTAGACTTCTTG
CTGTGGGCAACCCCTATTTTTGCCATACGACCAGCAAACAAGACACTTGTGCCTAAGGTTT
CGGGATTTCAATATAGGGTTTTTAAGATGGTATTGCCAGACCCTAATAAAATTTGCCTTAC
CTGACACATCTATATATGACCCCACTACGCAACGCCTGGTATGGGCCTGCATCGGGCTGG
AGGTAGGTAGAGGACAGCCCTTAGGTGTTGGTATTAGTGGGCATCCATTATTAAATAAAT
TGGATGATGTAGAAAATTCAGCTAGTTATGCAGCCGGTCCGGGTGAGGATAACAGGGTAA
ATGTGGCCATGGACTATAAACAAACACAATTATGTTTGGTTGGCTGTGCACCCCGTTAG
GTGAGCATTGGGGTAAAGGCAAGCAGTGTAATAATGTTAGTGTTAAGGATGGGGACTGCC
CTCCCTTGGAATTAATTACTAGTGTAATTGAGGATGGTGATATGGTGGACACTGGTTTTG
GAGCCATGAATTTTGCTGAATTGCAGCCAAATAAATCTGATGTTCCATTAGATATATGCA
CTGCTACATGTAAATATCCTGACTATTTACAAATGGCTGCAGATCCATATGGGGACAGAT
TGTTTTTTTTTACTTACGAAAGGAACAGATGTTTGCCAGACATTTTTTTTAAAGGGCTGGAA
CAGTTGGTGAGGACGTTTCCCAGGATCTGGTTATTAAGTGTCTAGTAAAAATACTGTTT
CTAATGCTATATACTTTAATACACCCAGTGGTTCTCTTGTATCTTCTGAAACCCAATTAT
TTAATAAGCCTTTTTTGGTTGCAAAAGGCGCAGGGCCACAATAATGGTATTTGTTGGGGAA
ATCAGTTATTTGTTACTGTTGTAGATACTACCCGTAGTACAAACATGACAATATGTGCTG
CCACTACACAGTCCCCCTCCGTCTACATATACTAGTGAACAATATAAGCAATACATGCGAC
ATGTTAGAGGAGTTTGACTTACAATTTATGTTTCAATTATGTAGTATTACCTTAACGGCGG
AGGTAATGGCCTATCTTACATCTATGAATGCTGGTATTTTAGAACAGTGGAACCTTTGGGT
TGTCGCGCCCCCCAAATGGTACCTTAGAGGACAAATACAGATATGTGCAGTCCCAGGCCA
TTACATGTCAAAAGCCACCCCTGAAAAGGCAAAAGCAGGACCCCTATGCAAAATTAAGTT
TTTTGGGAGGTGGATCTTAGAGAAAAGTTTTCTAGTGAGTTGGATCAATATCCCTTGGTA
GAAAATTTTTTATTACAAACGGGTGTGCAGGCCCGTTTCTCTGTTTCGTGTGGGTAGGAAAC
GTCCTGCGTCTGCAGCCACTTCCCTCCAGTAAACAAAAACGGTCTAGGAAGAAGTAGTATG
TGTTATTGTTTTGTTTGTATGTGTGTCATATGTTATTGTGTTATATATGTGTTGTGTTGT
ATATATGTTGTATGTGTATGTTGTGTAATGTTGTCTGTAATGGAATGCATGTGTGTGTTG

TACATAATAAACTTAATCTGTGTGTCTGTTCCACCCCATGAGTAAGTGTGTAGTGTG
TGTTCTATGTTTGGTATATATAATATATAACATATGTACAGCCATGTTAGTTTTTAAACA
TATTCCTCCATTTTGGGTGCAACCGTTTTTCGGTTGTTTATTTTGGGTGCAACCGTTTTCG
GTTGTTACTCATTACCCACATCCTGTACCCAATTTGTTATAGCAAGCAAAATATTTAATC
ATCTCTGCCAGAACTTTATTATGTTACTAAGTACACACCTGGCGCACAGCTAGGCGCGGT
TTGGCAACTACACAATACATTCCCTAATCTCTATACTACTGCTGTCTCGTTTGTGAACAAT
AGTGCGCTGGTAGCCAACTTTTTAAAAGCATTTTTGGCTACTAGCACTGCATTTTTGTAC
AGTTACTGTTGGTTTTATAAAATGAGTAACCTAAGGTCACACACCTGCGACCGGTATCGG
TTGACACACACCCCTGTACACTTCCTTATCATAG

>gi|1020234|gb|U31787.1|HPU31787_Human_papillomavirus_type_38,_complete_genome

CATCTTTGGCAGACGAAGTGCACCGATAACGGTAAGACTTTTCTCTTTTAACCGTAGGCG
TTGGTTTATTATTCCTGGCAACAATGGTGGTTAACAACCATCACACGTAATCGGTACAAG
CAACCGCTTGTGGTAGTAAAATGAATTAACCAAGGATATATTTAAGGGGCCT
GTAAGCTTGGGATGTATTCATGGAACACCAAAACCTCAAACCTGTGCAGCAGCTCAGTGA
TAAGTTAACAGTTCCTGTAGAGGATCTGTTATTACCCTGTAGATTCTGCAACAGTTTCCT
CACGTACATTGAATTACGTGAGTTTGATTACAAGAACTTACAGTTAATCTGGACTCAAGA
GGATTTTGTGTTTGCATGTTGTAGCAGTTGTGCTTATGCTTCTGCTCAATATGAATGTCA
GCAGTTTTATGAATTAACATGTCTTTGGCCGTGAAATTGAACAGGTGGAGCAACAGACAAT
AGGCCTTATTGTTATAAGGTGTCAGTATTGTTTAAAGTGTCTTGATTTGATAGAAAATT
AGATATCTGTGCTCTCATCAAGCATTTCAACAAGGTTAGAGGCAATTGGAAAGGAAGGTG
CAGGCATTGCAAAGCAATAGAATGATTGGGAAACAAGCTACTCTTCGTGATATAGTTCTT
GAAGAGCTTGTCAGCCCATTGACCTGCATTGCCACGAGGAGTTGCCTGATCTTCCAGAG
GATATTGAAGCATCAGTGGTAGAGGAGGAGCCAGCATAACCCCATACAAAATCATAGTT
CTTTGTGGGGGTTGTGAAGTAAGGCTAAAACTATACGTGTGGGCCACCGACGCTGGGATT
CGGAATCTGCAAGATTGTTTGTGCGGACGTAAGGCTTCTGTGTCCACCTGTCGAGAA
GACATTTCGCAATGGCGGACGATAAAGGTACTGATCCTAAAGAAGGCTGTAGTGATTTTAT
ATATTTAGAAGCTGAATGCTCTGACATTAGTGACTTAGATAATGATTTGGAAACATTATT
GGAAGAAGGTGCGGGATCCGATATTTCTGACTTAATAAATGATGAGGTGTTGAGCAGGG
AAATTTCCCGCAATTATTATGTCAACAAGAGAGAGAGAGAGCGAACTGCAGGTTCAATA
TCTAAAACGAAAGTGTTTCAGTCCGAAAGCTGTTTCAGGAGCTTAGTCCTCGTCTGCAGTC
TATGAATATATCTTCAGAGCATAAATCTAAAAGGAGATTATTTGTGGAGCAAGACAGTGG
ACTGGAGCTATCTCTAAATGAAGCTGAAGATTCTACTCAAGAGTTGGAGGTACCGGCGAG
CGCTCCAGCGCCGGCAGCAGAGGGTGATATAGGGCTGGGTACTGTAAGAGATCTTTTAAG
GAGCAGTAACAGCAGAGCAACACTGTTAAGCAAATTTAAAGACTCGTTTGGGGTCAGCTT
TACAGAAGTACAAGACAATATAAAAGCAATAAAACGTGTTGCCACCATTGGGTCTTGGC
AGTGTATGCTGCTAAGGATGACTTGATAGATGCGTCCAAACAATTGTTACAGCAGCATTG
TTTTTATATATGGCTTCAATCATTTTGTCCCATGTCACTTTATTTATGTTGCTTTAATGT
TGGTAAAAGTAGAGACACTGTTGTAAGACTAATAGCTACATTATTACAGGTGCATGAAAA
TCATATATTGTCAGAGCCACCAAAAAATAGAAGTATTCAGCAGCGTTATTTTGGTATAA
AGGAAGTTTGAATAGTAATGTGTTTTGTTTTGGTGAAGCTCCTGATTGGATTCTATCACA
AACAATGATACAGCATCAAACCTGCTGACACTTTGTCAGTTTGACTTGTCTCGAATGATTCA
ATGGGCCTATGATAATGATCATATAGACGAAAGCATTATAGCTTATCAATATGCTAAATT
AGCAGATATTGATAGTAATGCTAAAGCTTTTTTAGCTCATAACAGCCAAGTTAAATATGT
TAAAGAGTGTGCTTTAATGGTAAGATATTATAAAAGAGGAGAGATGAAAGAAATGTCTAT
TTCTGCTTGGATTTCATCACTGCATATCTAAAGTTGAAGGAGAAGGCAATTGGCAGCATAT
TGTTAGGTTTATTAGATACCAAAATTTGAATTTTATTATGTTTCTAGATAAGTTTTCGGAC
CTTTTTTAAAAAATCTGCCAAAAAATTTGTTTATTAAATATATGGTCCCTCCTGACACAGG
AAAGTCTATGTTTGCATATGTCACTTATTAACTATTGAAAGGTAGTGTAGTATCTTTTGC
TAATTCGAAAAGTCAATTTTGGTTACAGCCACTAGCTGATGGGAAAATTGGTTTATTGGA
TGATGCAACTGATGTGTGTTGGCAGTATATAGATTCTTTTCTTAGAAATGGTTTAGATGG
TAATTTAGTGTGCTTAGATATAAAACATAAAGCACCTTGTCAAATGAAATTTCCCTCCATT
AATTATTACTTCCAATATTAATTTATTTAAAAGAGGAACGATACAGATTTTACACAGTAG
AGTAACACAAAATTGATTTTCCAAATAAGTTTCCCTTTGACTCAGATAATAAGCCTTTGTT
TGAACCTACTGATCAAAGCTGGGCATCTTTCTTTAAAAGGCTGTGGACACAATTAGAGCT
CAGTGATCAAGAAGACGAGGGAGACAATGGAACTCTCAGCGCACGTTTCACTGTACTGC

AAGAGAAGTTAATGGACATATATGAATCAGGTGTAGAGGACCTGGATACACAAATTCAGC
ATTGGCAGCTTTTAAGACAAGAGCAAATTATTTATCACTATGCAAGGAGACATGGTGTTA
CTCGATTGGGCTATCAACCTGTACCTTCTTTGGCAAGTTCAGAAGCCAAAGCAAAAGATG
CCATTTCTATGGTCCTTTTACTTGAAAGCCTGAAAAAATCCAAATATGCAGATGAACAAT
GGACATTAGCTCAAACCTAGCCTGGAGGCTGTTTCGCAGCCCTCCTGCAGACTGTTTTAAAA
AAGGACCTAAAAATATTGAAGTTGTATTTGATGGTGACCCTGAAAATCTTATGTCATATA
CTGTGTGGACATATATATATTACCTGACAGATGAGGACATATGGGAAAAAGTGGAAGGCC
ATGTGGATTATACAGGAGCCTATTATTATGAGGGCAAATTAAGGTGTATTATTTAAAAAT
TTGAAAATGATGCTAAACGATATGGTGTCACAGGATTATGGGAAGTACATGTTAATAAAG
ACACTGTGTTTACCCCCGTTACCAGTTCTACGCCGCCAGTTGGAGACTCCACCGACTCCG
CATCCAGGGCGGCACTCCCCGAGCCTTCCACCTCCGTGTCCCCGAACGGCCACCATCCC
AAACAGCACGGCGATACGGGAGAAAAGCATCTAGCCCTTCAACCACCTCCCCGAGGCAAA
GGAAAGGACAAAGAGAAACCACAGGCACCCAAAGGAGAAGAAAAAGCAGATCAAGGTCCC
GAAGCACCAACAGGGGAGGGAGGGACACCCGGCGATCCTCCTCCAGAGGATCCTCAGTCT
CCCCACCAGGGGAAGGAGAAGGGGAGGAGGGGACAGCAGAAGGCGGGGGCCGGTCACCC
GCTCGAGATCAAGATCCCTCTCACGAGCCTCTTCTGCAGGGGTGGCATATCGCCTGACA
AAGTGGGAACGGCAGTTCGATCAGTTGGTAGACAAAGTGGTGGAAGACTTACGCGGCTAC
TGGCAGACGCTGCAGACCCCCAGTAATATTGTTACGTGGAGATGCCAATACCTTAAAAAT
GCTATCGCTATCGATTTAGAAAAAACATGCTGGTGGCTTTTCGCTTTGTTAGCACAAACAT
GGTCATGGATAGGAGATGCATCAAATGATCGCATAGGGCGCTCACGAATGCTTCTAGCTT
TTTATTGAGAATCACAAAGAGAAAAAGTTTATACAGACTATGAAATTACCTACAGGTGTAG
AGTGGTCATTAGGACAATTTGATGATTTATAGAATAATCTATAAGAGATATTTTTTATAT
ATTATGTAACCTTTTTTTACTAACAATACTGCTTTGCTACTAACACTATGGTTCGAGCACG
TAGAACCAAACGTGCATCTGTTACTGATATATACAGGGGCTGCAAGGCTTCTAATACTTG
CCCTCCTGATGTAATCAATAAAGTGGAACAATCAACAATAGCAGATAAGATTTTAAAAATA
TGGTAGTGCTGCTGTCTTTTTTTGGTGGGCTGGGTATTAGCACTGGTTCGTGGTACAGGCGG
TGCTACAGGCTATGTGCCTTTGGGGCAAGGACCTGGAGTGCGAGTGGGTGGCGCCCCCAC
AGTGGTCCGCCCCGGGGTGATACCTGAAGTAATTGGACCAACCGAACTGATACCTATTGA
CTCAGTCACACCAATTGACCCTACAGCACCTTCAATTGTGTCAATTAAGTACAGTAGTGC
TGTTGACCTTTTACCTGGAGAGGTTGAAACTATTGCAGAAGTTCATCCTGGCCCTATAGA
CCCTATAGAAATTGATACCCCTGTTGTGAGTGGAGGCCGAATACCAATGCTATATTGGA
AGTGGCTGACCCTCATCCACCCACTAGAGCTACTGTTAGCAGAACTCAATATAATAATCC
TGCTTTCCAAATAATTTCTGAAGTAATCCCTACCTCTGGAGAGTCTTCTCTTGCAGATCA
CGTGTTAGTGCTCTGAAGGGTCTGGTGGCCAGCAGATAGGAGGTACCAGAACAGCAGAAGA
AATTGAGTTGCAGCCTTTGTTATCTAGATATAGTTTTTGAAATTGAGGAGCCAACACCACC
GCGAAGAAGTAGCACCCCTTACAAAGAGCAAGACAACAGTTTTTCATCATTACGCAGAGC
ATTATATAATAGAAGGCTAACTGAGCAAGTGGGTGTCACTGACCCTTTATTTTTTCACATC
ACCTTCCAAATTGGTGCGTTTCCAATTTGACAATCCTGTATTTGATGAACAAGTAACACA
GATATTTGAGCAGGACATAGCAGACTTTGAGGAACCACCCGATAGACAGTTTTTGGATGT
GGTTAAATTAGGTAGGCCAACATTAAGTCTGCAGAGGGATATGTTAGAGTGAGTCG
TTTGGGAAGACGGGGAACGATCCGAACACGCAGTGGTACACAAATAGGATCACAAGTACA
TTTCTATAGGGATTTAAGTACAATTAATACAGAAGAACCCTTAGAAATGCAGTTATTGGG
TGAGCATTACAGGTGATGCTTCAATTGTACAAGGTCCTGTAGAAAGCACTTTAGTGGATGT
AAATGTGACTGAGGTTCCCTGAAGGTGTTCTTACAGAACTTCTATGGATCCAGATACTTT
TAATTCAGAGGATTTATTACTGGATGATGCTATAGAAGACTTCAGCGGATCTCAGTTAGT
TGTAGGAACCTCCACGCAGATCCACTACGTCAATCACTGTACCTAGATTTAGACTCCTCA
AAATCCTACCATATATTATCAGGATATACAGGGGTATCATGTTTCATATCCCGAAAGCAG
AGAAAGACCCGCCATTATTTATCCTACACCCGATATTCCCTACAGTAGTTATACATGTTGC
TGATTCCTCTGGAGATTTTTTATTATACATCCCAAGTTTACGATGGCGACGGCGCAAACGCAA
ATATTATAAATGTTTTTTCAGATGACACTTTGGCTTCCCTGCATCTGGTAAAAATATACTTGC
CACCAACACCTCCAGTTGCGCGCGTTCAAAGCACGGATGAATATGTGGAACGAACAGACA
TCTATTACCATGCAACTAGCGATCGCCTATTAACAGTAGGCCATCCATATTTTGATGTCA
GATCACAGGATGGTCAAAAAATTGAAGTTCCCTAAGGTGTCAGGAAATCAATATAGGTCAT
TTGGGGTAACCTTTCCAGATCCCAATAAGTTTGCTTTGGCAGACATGTCTGTTTATGATC
CAGATAAATATAGGCTGGTGTGGGCTGCAAAGGCCTTGAAATAGGCCGAGGACAGCCAT

TAGGAGTTGGAAC TACAGGACATCCTCTATTTAATAAAGTAAGAGATACTGAAAAC TCCA
GTAATTATCAAAACACATCTACTGATGACAGACAAAATACCTCTTTTGATCCTAAACAGG
TGCAAATGTTTATAATAGGCTGCACTCCTTGTCTAGGAGAATACTGGGATAAAGCACCTG
TATGTGATAATGCAGGGGACCAGACAGGCCCTATGTCCTCCACTAGAATTGAAAAATAGTG
TAATTGAAGACGAGACATGTTTGATATAGGATTTGGCAATATAAACAACAAAAC TCTAT
CCTTTAATAGATCTGATGTAAGTTTGGATATTGTTAATGAAACCTGCAAATACCCAGATT
TTCTTACCATGTCTAATGATGTTTATGGTGATTCTCTGCTTCTTTTTTGTGCGACGGGAGC
AATGCTATGCCAGACATTATTTTGTTCGAGGTGGTGCAGTGGGTGACGCTATTCCAGATG
GTACTGTCAACCAAAATCATAATTATTATTTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGCA
CTTTAGGGAACTCTACGTATTTTCCAACAGTTAGTGGATCCTTGGTGACGTCTGATGCTC
AGTTATTTAATAGACCATTTTGGTTACAAAAGAGCACAAGGCCACAATAATGGTATTTTAT
GGGGCAATCAAATGTTTGTACAGTCGCTGATAATACCCGAAATACAAACTTTACAATCA
GTGTATCCACTGAAAACGGGGGTGCTCAAGAATATGATTCTGCAAATATTAGAGAATATT
TAAGACATGTTGAGGAATACCAATTGTCATTTATATTGCAATTGTGTAAGGTTCTTTTAA
ATGCTGAAGTGCTGACACAGATTAATGCTATGAATTCTGGAATATTAGAAAATTGGCAAT
TAGGCTTTGTACCCACCCAGACAATTCTGTACACGATACATATCGTTACATAACATCTA
AAGCAACTAAATGTCAGATGCAGTGCCTGAAACAGAAAAAGAAGATCCCTTTGGTCAAT
ATACATTTTGGAAATGTGGACATGACTGAAAAATTGTCTCTAGATTTGGATCAATATCCTT
TGGGGCGCAAAATTTTTATTCCAAGCAGGTTTACAAACAGCACGAACACGTGCTGTCAAAC
GGCGGTAGTAAGAAAATCTTCCAATCTGTAAAACGCAAAAGGACCCAGTAACCGTTTT
CGGTGCGCCCAATAAAATTTTAACTAATGTGGTATGTGAAGCATTTTTTTGACCTTCTTT
GTGACTAAACCGAACAAGTCAACACCAGTAACCGCGCCCGGTTAATCAGATTATAAATTC
CTGAAGGGCAGATTTCAATCAGTGCAGATATCATCTAGCACCTGCAGCAACCGCCAAGAC
TTTGCCAGGACTTGGCAGAA

>gi|1020226|gb|U31786.1|HPU31786_Human_papillomavirus_type_37,_complete_genome

AGCCAAGAATATTTGGCAGAACATTTTCTTGGAAGACAACCGATAACGGTAAGATTGTAA
TCTTTCAACCGTAGGCGGTACTTTCTGATTGGTTTGGCCGATTGTAGCTAACAACAATCT
TTCTTCATAAATACATGTAACCGCCTGCGTTAACTTACATGATCTAAATAAATATGATGA
GCAATACTTAAGAGAATATATGGCTAGGCCTAAGCCTCAATCTGTTCAACAGCTTGCAGA
TACTTTATGTATACCTTTAGTAGATGTTTACTGCCTTGCAGATTTTGTATAGATTCTT
AGCATATATAGAATTGATCGCATTTGATCGAAAAGGTCTTCAACTAATTGGACCGAAGA
AGATTTAGTGTATGCGTGCTGTACTAGCTGTGCCTATGCTACAGCACAGTTTGAATTTAC
CAGTTTCTATGAGCACTCAGTTAGTGGGAGGGAGATAGAAGAGATAGAGCAAAAGCCAAT
AGGAGAAATAGCCATACGCTGCAAATTTTGCTTAAAGTTATTGGATTTGTTAGAGAAGTT
GGAGACTTGCTATACTCAGCAACAATTTACAAGGTTAGGCGCAATTGGAAAGGCTTGTG
TAGACATTGTGGGTCGATAGGATGATTGGGAAAGAAGCTACAATACCAGAAATAGTGCTT
GAGCTGCAAGAGCTTGTCCAGCCCACTGCTGACCTGCATTGTTACGAAGAGTTGAGTGAA
GAAGAGACAGAGGAGGAGCGTCCTCACATCCCCTTACAAGATTGTAGCTCCGTGCTGCTTT
TGTGGTTCTAAACTACGACTGATAGTTGTTGCAACGCCTATTGGAATTAGATCACAAGAA
GAGCTATTACTTGGTGAAGTGCAGCTGGTTTGTCCAAACTGTGCGGGGAAGCTTCGCCAT
GACTGACGACACGAAAGGTACAAAATTTGATCCTAAAGAAGGATGTAGTGATTGGTTTGT
GCTAGAAGCAGAAATGCTCTGACAATAGTTTAGATGGTGATTGGAAGTTATTTGAAGA
AGGGAATGATACTGACATTTCTGATTTAATAGATGATGAGGACACTGTTCAAGGAAATTC
CCGCGAATTGTTATGCCAGCAACAAAGTGAGGAAAGCGAGCAACAAATACATTTGCTAAA
ACGAAAGTATTTCAAGTTCACAAGAGATTCTGCAGTTAAGTCCTCGTCTGCAGTCTATTAC
TATTTGCGCCACAGCATAAGTCTAAAAGGAGATTATTTGAAGGAGACAGCGGACTAGAACT
GTCATTTAATGAAGCTGAAGATTTTACTCAGCAGACTTTGGAGGTGCAGGAGGTATCGGC
ATCCGGCTCTGAGCCGGCAGACCAGGGTGCCAAGGGACTGGGCATTGTTAAAGACCTTCT
TAAATGTAGTAATGTTAAAGCTATGTTGTAGCAAAATTTAAAGAAGCATTTGGAGTTGG
CTTTATGGAACCTTACTAGGCAATATAAAAGTTGTAAAACATGTTGCAGAGATTGGGTTGT
AACGTTGTATGCAGTTCAAGATGAACCTGATAGAAAGCTCAAACAGCTGTTGCTTCAACA
CTGTGCTTATATATGGTTGCAGCATATGCCCTCAATGTGTTTATATTTATTGTGTTTTAA
TGTGGGTAAAAGTAGAGAAACTGTTTTTACTGCTAATGAATTTATTGCAAGTAGCAGA
AGTACAAATATTGGCTGAACCTCCAAAGCTTCGGAGCACATTATCTGCACTGTTTTGGTA
TAAAGGTAGCATGAATCCAAATGTCTATGCACATGGTGAATATCCTGAGTGGATTATGAC

ACAAACCATGATCAATCACCAATCAGCAGAAGCTACACAATTTGATTTATCCACTATGAT
ACAATATGCATATGACAATGATTTAATAAATGAAGATGAAATTGCTTATAATTATGCCAA
ATTAGCAGATACAGACGCTAATGCCAGAGCTTTTTTACAGCACAATAGTCAAGCCAGATT
CGTTAGAGAATGTGCACTAATGGTTAGATATTACAAACGAGGTGAAATGAAAGATATGAG
CATATCTGCCTGGATACATAATAAAATGTTAGTTGTGGAAGGCGAAGGACATTGGTCTGA
TATTGTAAAGTTTGTAAAGATTCCAAGATATCAATTTTATAAGGTTTCTAGATGTCTTTAA
ATCATTTTTTGCATAACACTCCTAAAAAGAATTGTCTTTTATTTTATGGTCCACCTGATAC
AGGCAAAATCAATGTTTTACTATGTCTTTAATTAAGTGTTAAAAGGAAAAAGTTTTATCCTT
TGCAAATTATAAAAGTAATTTTTGGTTGCAGCCGTTGGCAGATACTAAAAATTGCTTTAAT
AGATGACGTCACGCATGTGTGTTGGGATTACATAGATCAATATTTAAGAAATGGATTGGA
TGGTAATTTTGTTTGTTTAGACCTAAAACATAGAGCGCCATGTCAAATTAAGTTTCCACC
ATTATTACTGACTTCCAATATGGATATTATGAAGGAAGAAAGGTATAGATATTTACATAG
CAGGGTGCATGCTTTTGCATTTCCAAATAAGTTTCTTTTGATAGTAACAATAAGCCACA
ATTTGCACTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGAAACAGTTAGA
TCTCAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGACGATGGACACACTCAGCGATCGTTCAATGCAC
TGCAAGAGAACCTAATGGACATTTATGAGTCAGGTCGAGATGACCTAGAGACCCAAATTA
TGCATTGGCAACTTCTAAGGCAGGAGCAGATCCTGTTTCATTATGCCAGAAAAAATGGAG
TCATGCGTTTAGGATATCAACCTGTACCTCCTTTAGCCACCAGTGAAGCTAAAGCAAAG
ATGCAATTGGCATGGTTATATTATTAGAAAGTTTACAACAGTCTGCTTATGGTAAAGAGT
CCTGGACACTTACACAAATGTTTGGAGACCGGTGAGGAGTCCACCTGCAAATTGTTTTTA
AAAAGGGCCCTCAGAACATTGAAGTGATGTTTGACAATGACCCTGAAAAATCTAATGGTGT
ATACTGCCTGGTCATTTATTTATTATCAGACTGTAGATGACACGTGGAACAAGGTTGAGG
GACATGTTGACTACTATGGTGCATATTATTTTGAAGGAGATTTAAAAAGTCTATTATATAC
AATTTGAAGGTGATGCTGCCAGGTTTAGCAAACTGGACGCTGGGAAGTACATGTTAACA
AGGACACTATCTTTGCTCCTGTTACTAGCTCTTCGCCGGCAGCTGGAGAAGGGACAGACG
GGGCGCCTCCGTCCACACCGTATCCGGGTCGCCGCTCGCACGGGGATTCTCTACCACCT
CCGTGTCCACCAGAAAACGGACACCACCGCGATACAGAAGAAAAGCATCTAGCCCTA
CAACCACCGCCGCCCCGGCAAAAAAGACAAGGAGAAGACACCGCAACAAGGCGATCAAGGT
CCACCTCCCAGGGGAAACAAGCAACCTCCAGGGGAGGGGACCGACGCAGACGGAGACGAG
AACGCTCCTACTCCCGAGACACCTCCAGTTCCTCCGACAGGGGAAGGGGAGGGAGAAGTA
GAGGGGGGCCCCGAGACACGATCCCAATCAAGGTCCCTCTCACGATCCCGGTGCGGTCGC
GATCCAGAGGGTCTTCTTCCAGGGGTGGCGTTGCGCCTGACGCAGTGGGAAAGTCAGTTC
GAACAGTTGGTAGAGACCATAGTGGACGACTTAAAAGATTACTGGACGAAGCTAGGGATC
CCCCAGTAATTGTGCTGCGTGGTGATGCTAACAATTAATGCTATCGCTATAGAGCTA
AGAAAAAGCATGGAAACCTAGTTAAGTACTACAGTACCACGTGGTCATGGGTTGGGGGCA
GCACCAATGATAGAATTGGAAGGTCACGCATGTTACTTGCATTTCAATCCAATACAGAAA
GAGAGTTGTTTTTAAAACTATGAAATTACCACCAGGAGTTGATTGGTCACTGGGTCATT
TAGATGAATTGTGAAAACAGCTTTTTTTATAACAACTAACATTGCTTTTTGCTTTTGCTAC
TAACCTACTAACGTTCCAATGGCTCGCGCACGTCGTACCAAACGTGCGTCTGTAAC TGAC
ATTTACAGGGGTTGCAAGCAGGCCGGCAGTTGCCCCCGGATGTAATTAATAAAGTGGAA
CAAACAACAATTGCAGACAAAATTTTGAAGTATGGTGGTGCTGGTGTTTTTTTTGGTGGG
CTTGGGATTAGCACCGGCCGAGGAACAGGTGGTGCTACAGGATATGTCCCTTTGGGGGAA
GGCCCTGGAGTGCGCGTAGGAGGCGCACCCACCATTTGTTGCGCCCTGGGGTCATACCTGAA
TTGATTGGGCCAGCAGATGTAATACCTATTGACACAGTCACTCCAATTGACCCCGCAGCA
CCCAGTATTGTCACAATTACAGACAGTAGTGCTGTTGACCTTTTACCTAATGAAATAGAA
ACAATTGCAGAAGTGATCCTGTGCCAACAGACAATTTGGATATTGATACTCCTGTAGTT
ACAGGAGGCCGGGATTCCAGCGCTGTTTTGGAAGTTGCTGATCCTAGTCCCCCTGTGCGA
ACAAGAGTTTCCAGAACACATAATCATAATCCTTCTTTTCAAATAATAACTGAATCTACA
CCTTTAGCAGGAGATCTGCTTTAGCTGACCATGTTATTGTTTTTTGAAGGCACTGGAGGA
CAAAATATAGGTGGTTCTCGAAATGCAACTATAGAAACAGCTCAAGAAAGTTTTGAAATG
CAAAGTTGGCCGAGTAGGTATAGTTTTGAAATAGAAGAAGGAACACCTCCTAGATCTAGC
ACACCAGTACAAAGAGCAGTACAATCACTCTCTAGTTTTAAGACGGGCATTGTATAATAGG
AGATTAAACAGAACAGGTAGCAGTCACGGATCCTTTATTCTTGAGTAGACCCCTCACAATTA
GTACAGTTTTCAGTTTGACAATCCTGCATTTGAAGAAGAAGTAACCTCAAAATTTGAGAGG
GATTTAGAGGCTGTAGAAGAACCTCCAGATAGACAGTTTTTTGGATGTTATTCGCTTAGGT

AGACCTACTGTTGCTGAAACACCACAAGCGTATTTAAGAGTAAGCAGATTAGGACGTCGT
GCTACCATCCGTACTCGTAGTGAGCACAGGTGGGGGCTCAGGTACATTTTATAGAGAT
TTAAGTACTATAGATTCTGATGCCCTAGAAATGCAATTATTAGGAGAACATTCAGGTGAT
ACTACTATAGTACAAGGACCTGTAGAAAGTTCATTTGTTGATATAAATATTGATGAACCA
GGTCCCTTAAATATAGGGCAACAAGAGTCTACTATGGCAGATGACACAGATTTTAATTCT
GCAGATTTTATTGTTAGAGGATGCTGTAGAAGACTTCTCAGGATCTCAGTTGGTTTTTGGGA
ACCTCACGCCGCAGTACAAATTCTATCACAAATACCTAGATTTGAAACTCCAAGAGATACT
GGATTTTATATACAAGATATTCAAGGTTACAATGTAGCCTATCCTGAGTCACGTGACACA
ACACAAGTTATCTTGCCACAACCTGAAACACCAACTGTAGTTATTAGATTTGGAGAGGCA
GGTACAGACTATTATTTACATCCTAGCTTAAAAAAGAAAAAGAGAAAAACGCAAATATTTA
TAATTGTTTTTACAGATGACTTTGTGGCTGCCAGCGACGGGTAAAGTATACTTGCCCTCCA
ACACCACCAGTAGCCCGGGTGCAAAGCACGGATGATTATGTGGAAGAACAATGTATTC
TATCATGCCATGAGCGATCGTCTCCTAACTGTAGGACACCCATATTATGATGTAAGATCT
AGTGATGGCTTAAAAATCGAGGTTCCCTAAAGTATCTGGAAATCAATACAGAGCTTTTAGG
GTTAGGTTGCCAGATCCAAATAAATTTGCTTTAGCAGATATGTCAGTATATAATCCAGAA
AAGGAAAGGTTGGTGTGGGCCTGTGCGGGCTTGGAGATAGGCCGAGGGCAACCACTTGGA
GTAGGAACGACAGGTCACCCTTTATTTAATAAATTAAGGGACACTGAGAATAATAGTAAT
TACCAAGGGGGGTACGGGATGATAGACAAAACACATCATTGTGATCCAAAACAAGTACAG
ATGTTTGTGGTTGGATGTGTGCCATGCATGGGTGAACATTGGGATAAAGCACCAGTTTGT
GCATCAGAGGAAAAATAATCAGACAGGACAGTGTCCACCACCTGAATTAAAAAACACAGTG
ATTGAAGATGGGGACATGTTTGATATAGGGTTCGGAAATATTAACAATAAGGTTCTCTCT
ACTAATAAATCAGATGTTAGTTTAGATATAGTTAAATGAAATATGCAAATACCCTGATTTT
TTAACAATGGCTAATGATGTTTATGGGGATGCATGTTTCTTTTTTGCTAGGAGAGAACAA
TGTTATGCCAGACATTATTTTGTAAGAGGGGAAATGTAGGTGATGCTATTCCCGATGGC
ACTGTTAATCAGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTG
TTAGGCAATTCTACCTATTTTCCCACTGTTAGTGGATCTTTAGTAACATCTGATGCTCAG
CTCTTTAACAGGCCTTTTTGGTTACGCAGAGCTCAAGGTCACAACAATGGCATTTTATGG
GGTAATCAAATGTTTATCACAGTTGCTGATAATACACGGAACACAAACTTTTCTATTAGT
GTGTCTACTGACAATGGCGAAGTTACAGAATATAATTCTCAAACACTCAGAGAATACCTA
AGACATGTTGAAGAATACCAGCTTTCAATTATTTTACAACCTTTGTAAAGTTCCTTTAAAG
GCTGAGGTTTAACTCAGATAAATGCAATGAATTCTGGTATATTGGAAGAGTGGCAATTA
GGATTTGTACCTACTCCAGATAATTCAGTACATGACCTTTATAGGTACATTAATTCAAAG
GCTACCAAGTGCCTGATGCAGTTGTTGAAAAAGAAAAGGAAGATCCCTTTGCAAATAT
ACATTTTGGAAATGTAGATTTAACTGAAAAATTATCATTGGATTTAGATCAATATCCTTTA
GGGAGGAAATTCATCTTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTGATCGTCT
GTAAAAGTGTCTAAAGGTACAAAGCGTAAACGGTTCGTGACCGTTTTTCGGTTTCCAATAAA
CAAATAAAACCAATAAGGTATGTGAAGCATTTTTTACCATGTTTCGTGACTAAACCATATAA
GTCAACGCCAACCAACCGCACCCGGTTAATCAGATATAAAACACCTGGTGCGATTTTATC
AGAGCTTTTGTGGAAGCACCTGAGGCGACCGCCAGAACTGC

>gi|1020218|gb|U31785.1|HPU31785_Human_papillomavirus_type_36,_complete_genome

GTAAGTTATTTAATTTATGTACCAGGTGCGGTACTGGAATTTCAATAATAATTGTTGT
TGCCAACTACCATTGCTATATTCAAGTTTTTGCCGTGATCGTTTTTCGTATCATGTGAATA
ATATACTGTATAGTATAAATAAATAAATAAATATATATATATATGCTTCAAAGGTTGGGT
TTTTTAATAATTAAGGCAAATGGCAGAGCAAGCCTCCGAACAGCAGAATATTACAGAAAA
AGAAAAAGAACAGCTGCCTTTAACTATTAAGGGCCTGTCAGAATCATTAGGCATTCCGTT
TGTAGACTGTCTAATACCTTGTAACCTTTGTGGCAAATTTTTAGATTATTTAGAAGCTTG
TGAGTTTGAGGTTAAAAAGCTTAGTTAATTTGGAAGGATTACTGTGTATTTGCCTGCTG
TCGTGTTTGTGTGGTGCAACAGCCACATATGAGTTTAATCAGTTTATCAGCAGACAGT
ATTAGGAAGAGATATTGAAATTGGCTGCAGTCCATATTTGAAATTGACATTAGGTG
TCAGACGTGCTTAGCTTTTTCTTGACATAATTGAGAAGTTAGATTGTTGTGGAAGAGGACT
TCCCTTTTCATAGAGTCAGAAACGCCTGGAAGGAATCTGTAGGCAGTGTAAGCATTTTTTA
TAATGATTGGTAAAGAGGTCACCGTGCAAGATATTGTTCTGGAGCTCAGTGAGGTGCAGC
CTGAAGTACTACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAGGATACGGAGG
AGGAGCTTGACACCGAAAGAATCGTTTTTCAAAGTCATTGCACCGTGTGGTTGCAGCCACT
GTGAGGTCAAGCTCCGCGTTTTTGTCCAAGCTACAGAATTTGGCATCAGAGCATTTCAAC

AGTTGCTGACCGGTGACCTGCAGCTTCTGTGTCCCGAGTGTCGTGGGAACTGCGAACATG
GCGGATCCTAAAGGTAGTACATCTAAAGAAGGGTTTGGTGATTGGTGTATTTTGGAAGCT
GACTGTAGTGATATAGAAAATGATATGGAACAATTATTTGAAAGAGATACAGATTCTGAT
ATTTTCGGACTTAATAGATGATTGTGACCTGGAACAGGGAAATTCTTTGGAACATTTTCAC
CAACAGGAGTGTAAGCAGAGCGAGGAGCAATTACAAAACTAAAACGAAAGTGTCTTAGT
CCAAAAGCTGTCGCACAGCTTAGTCCGCGACTTCAGTCAATTTTCATTGTCACCTCAGCAG
AAGTCTAAGCGAAGGCTCTTTGCAGAGCAGGACAGCGGAGTCGAGCTGACCTTAAACAAT
GAAGCTGAAGATGTTACTACTGAGGTGGAGGTACCGGCTATAGACTCTCGGCCGGATGAC
GAGGGAGGATCAGGGGATGTAGATATACATTATCTTTCACTGTTGCGTTCCAGCAACAAA
AAAGCCACATTAATGGCAAAATTTAAAGCAGCGTTTGGGGTAGGCTTTAATGAATTGACA
CGTCAATTCAAAAGTCACAAAACCTGCTGTAATCATTGGGTTGTCTCTGTTTATGCAGTC
CATGATGATCTATTTGAAAGTTCAAAGCAGTTGTTGCAACAGCATTGTGACTATTTATGG
GTTTCGTGGGATAGATGCAATGTCATTATATCTATTGTGTTTTAAGGCGGGAAAAAATCGC
GGGACAGTGCAATAAGTTGATGACTTCAATGTTAAATGTGCATGAACAGCAGATTTTGTCT
GAGCCTCCAAAGTTAAGAAATACTGCTGCTGCATTGTTTTGGTACAAAGGCTGTATGGGA
TCGGGGGTGTTCAGTTATGGGCCATATCCTGATTGGATTGCACAACAGACTATATTAGGT
CACAATAATGCTGAAGCAAGCACCTTTGATTTTTTCACAGATGGTACAATGGGCCTTTGAT
AATCAGTTAGTTGATGAAGGAGATATTGCATATCGATATGCAAGGCTTGCAACCAGAAGAT
GCCAATGCTGTTGCATGGCTTGCACATAATAGTCAAGCTAAATTTGTAAGAGAGTGTGCA
GCAATGGTGCCTTTTTATAAAAAAGGTCAAATGAGGGATATGTCCATGTCGGAATGGATC
TATACTAAAAATACATGAGGTAGAAGGTGAAGGTCACTGGTCAGATATAGTAAAAATTTTTTA
AGATATCAGGAGGTAAACTTTTATAATGTTTTTGGCTGCATTCAAAGATTTTTTGCCTCA
AAGCCAAAAAAAATTGTATTTTAATTCATGGCCCTCCTAATTCAGGAAAAGTCATCATTT
GCAATGTCATTAATAAGGGTATTA AAAAGGCAGAGTATTATCTTTTGTA AATTCAAAAAGC
CAATTTTGGTTGCAACCCCTTTCTGAATGTAAAATAGCATTGATTGATGATGTA ACTGAC
CCCTGTTGGTTATATATGGATAATTATCTAAGAAACGGTTTAGATGGGCATTATGTCTCA
TTGGATTGTAAATACAAAGCTCCAATGCAAAACAAAGTTTCTCCATTATTACTAACATCT
AATATAAATGTGCATGAGGAAGCTAATTACAGATACTTACACAGTAGAATTAAAGGATTT
GCATTTCCAAATCCATTCCCAATGAAATCAGACGATACACCTCAGTTTGAGTTAACTGAC
CAAAGCTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGACACAATTAGAACTCAGTGACCAAGAA
GACGAGGGCGAAAATGGAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGCTCTGCAGGATCTGCTAAT
GAACATTTATGAAGCTGCAGAACAGACACTTGAGGCACAGATAAAAACACTGGCAAACCTT
GCGACAAGAAGCTGTTTTGTCTACTTTGCTAGGCAGAGAGGTGTGACAAGGCTTGATA
TCAACCTGTGCCTGTAAAAGCTGTATCTGAAGCAAAAGCTAAAGAGGCTATAGCAATGGT
GCTGCAGCTTCAGTCTCTACAAACGTCTGAATATGCATCTGAAACTTGACATTAGTTGA
CACCAGTATAGAAACTTTT TAGAAGCGCTCCAGACGGTCACTTTAAAAAGGGTCCAGTGCC
TGTAGAAGTGATTTATGACAATGATGCAGATAATGCCAATTTGTACACTATGTGGACATA
CGTGTATTATATGGAAGACGATGTGTGGCATAAAGCCAGAAGTGGGGTCAATGAGACTGG
CATATATTATTTACAAGGAACATTTAAATATTACTATGTACTATTTGCTGACGATGCACG
TAAATATAGTCAAAC TGGACAATGGGAAGTGAAAGTTAATAAGGAAACTGTCTTTGCCCC
TGTCACCAGCTCCACCCCTCCAGGGTCGCCAGGAGGACAAGCAGACACAAACGCCCTCCTC
CAAGACCTCCACCACCACCACAGCCACCGTTGACTCCACGACCAAGCAGCTCACCACATC
AGAACAGCCACAACAAACCGAAACCAAAGGAAGAAAGTACGGACGGAGGCCCTCCAGCAG
GACAAGGAGACCGCAAGCGAAGCAAAGGCGATCAAGGTCCAGACACCGATCCTCTAGGTC
CCGATCGCGGTCCAGTCCCGGTCCCACACCCCAACCACTCGGTCTGCCACCACCCGGTC
TAGGTCCCCGTCGCTCGCCAAGACTGGGGTCCAGCGGGTATCAACCAGATCACGATCCAG
AAGCACCTCTAGAAGGGGAGGTAGAAGGCGGAGGTCACGGTCACCATCCACCTCCTCCTC
CACCACCCACCAACAAACGGTCACGAGTGCGGGGCCGAAACCACAGGGTCCAGAGGGGC
GCGAGGGGGTAGAGGGGCGGGGTGGGAGCGGTGGGGGGCGGCGACGAGGACGATCATC
CTCCTCCACCTCCCCCGCCCAAAACGGTCAAGAGAGCACTCTGTTAGGAGCCGTGGCGT
GTCTCCTGACCAAGTGGGAAAGTCACTTCGATCTGTTAGTTCAAACATACAGGACGACT
TGGAAGATTACTGGAAGAAGCTCTCGATCCCCCAGTGATCCTTGTTAGAGGGGAGGCAAA
TACACTAAAAATGCTTTTCGCAACAGAGCTAAGATAAAATACATGGGACTGTATAGGTCATT
TAGTACAAC TGGTCATGGGTGGCAGGAGATGGCACTGAGCGTCTAGGCAGGCCCAGAAT
GCTCATTAGCTTTTCGTCCTACAATCAGAGAAGGGATTTTGATGACGTGGTGAGATACCC

GAAAGGAGTTGAAAAATCATATGGCAACCTTGACAGTCTCTAACCAC TAATGCTATGCTG
CTTTGCTACTAACAACACTAACAAATTAGCTTTTTTATACTTTTTTACTTTTGTACCTGCA
ATGGCGCGTGCTAAAAGGGTCAAGCGAGACTCTGTAACACATATATACCAGACCTGCAAA
CAAGCAGGCACATGCCCCCTGATGTTGTGAATAAAGTGGAACAAACAACAGTTGCTGAC
AATATTTTGAAATATGGCAGTGCTGGTGTCTTTTTTGGTGGCCTTGGCATTGGTTCGGGC
CGAGGTACTGGGGTGCTACCGGGTACGTGCCACTTAGTGAAGGTCCCTGGTATCCGTGTC
GGAGGTACCCCCACGGTTGTAAGGCCTTCATTAGTTCCTGAAGCAATTGGGCCAGTCGAT
ATTTTGCCCATTGATACAATTGATCCTGTGGAGCCTACAGCATCGTCCGTGGTTCCTCTT
ACTGAATCCACTGGACCTGATTTACTTCCAGGTGAGGTGGAACAATAGCTGAAATTCAT
CCTGTTGCTGAAGGCCCATCAGTTGATACCCCTGTGGTTACCACAAGCACGGGTTCAGT
GCTGTTTTGGAAGTTGCTCCAGAGCCTATACCTCCAACACGGGTTAGAATCTCACGTACA
CAATATCACAAATCCTTCCTTTCAAATTATTACAGAATCAACACCTGCACAGGGTGAAAGC
TCTCTTG CAGATCACATTTTAGTGACATCAGGGTCCGGGGGACAAAGAATAGGGGCTGAT
ATTACTGATGAAATTGAACCTCAAGAACTTCCTAGTAGATATACTTTTGAAAATGAAGAA
CCAACCTCCACCTAGACGTAGCAGCACACCTTTACAGGCCACACGAGCTGCAGGTAGACGG
AGAGGTGTTTCTTTAACTAATAGACGTCTAGTACAGCAGGTACCTGTAGAAAATCCTTTG
TTTTTAACTCAACCTCTCGATTGGTGCGTTTTGCTTTTGAAAATCCTGCATTTGAAGAA
GAAGTTACAAATATATTTGAACATGATGTAGATGCTTTTGAAAGAACACCAGATAGGGAT
TTCTCTTGATGTCCAACGGTTGGGTGCGTCCCAATATTCTACAACCTCCTGCAGGGTATGTG
AGGGTTAGTAGATTAGGTACTCGTGCAACCATTCGCACGCGGTCTGGTGCAAAATAGGG
TCACAGGTGCACTTTTATAGGGATCTCAGATTCCATTAATACTGAAGATCCTATAGAATTG
CAGTTGTTGGGGCAACATTCGGGGGATGCTAGTATAGTTCAAGGCCCTGTGGAAAGCACA
TTTATAGACGTAAATGTGTCTGAAAATCCTTTGTCTGAAAGTGTGGAAAGCCTTTTCTGAT
GATTTATTGCTGGATGAAGCTGTGGAGGATTTTAGTGGGTCACAATTAGTTATTGGTAAT
AGAAGAAGTACCCTTCTTACACTGTTCCCAGATTTGAAACTACTAGGAGTGGTTCCTTAT
TATGTCCAGGACAGTAAAGGATATTATGTTGCATACCCAGAATCTCGCAATAATGCAGAA
ATAATTTATCCTACACCTGATATACCTGTAGTGGAATACACACTCATGACAATACAGGT
GACTTTTATTTACATCCTAGTCTTCGATGGCGCAAACGTAAGAAATATTTGTGATTT
TGCATTGCAGATGGCAGTGTGGCATTTCGGCTAATGGTAAAGTATACCTTCCTCCATCGAC
ACCGGTTGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGAATATATACAAAGGACAAATATTTATTATCA
TGCATTACAGCGACAGACTACTGACTGTAGGCCATCCATACTTCAATGTTTACGATATTAC
TGGTAACAAATTAGAAGTCCCTAAAGTGTCTGGTAACCAACACAGGGTTTTTCGCTTGAA
ATTACCTGATCCTAATAGATTTGCATTAGCTGACATGTCAGTTTATAACCCAGATAAAGA
ACGGTTGGTGTGGAGCTGTAGGGGCCCTGAAATAGGTAGAGGACAACCGTTAGGTGTTGG
CAGTACGGGACACCCACTATTTAATAAGTTGAAAGACACTGAAAACAGTAATTCATATAT
AAAATCTTCTAAAGATGATAGACAGGATACATCATTTTGATCCCAAACAAATTCAAATGTT
TATCGTGGGATGCACACCTTGTATAGGTGAACATTGGGACAAGGCTATACCTTGTGAAAA
GGAGCGCCAGGACAACAGACTATGCCCCACCAATTGAATTGAAAAC TACTTATATAGAAGA
TGGCGACATGGCAGATATAGGTTTTTGAAAATTTAAACTTCAAAAATCTGCAAGAGAGTAG
GTCAGATGTAAGTTTGGATATAGTTAATGAAACCTGCAAATATCCTGACTTCTTAAAAAT
GCAGAATGATGTTTATGGAGATGCCTGTTTTTTTTATGCTCGCAGAGAGCAATGTTATGC
CAGACATTTTTTTGTCCGTGGAGGTAAAACGGGTGACGACATCCCTGACGCCAGAATTGA
TAATGGGACTTTTAAGAATCAGTTTTTTCATTCCCTGGGGCTGACGGCCAAGATCAAAGAC
CATAGGAAATGCCATGTATTACCCAACCTGTTAGTGGCTCATTGGTGTCTAGTGATGCTCA
ATTGTTTAACAGGCCCTTCTGGCTCCAGCGAGCACAAAGGTCATAATAATGGCATTCTGTG
GGCTAATCAGATGTTTATTACAGTGGTAGACAACACACGAAATACTAACTTTAGTATTTT
AATATATAACAATAATGGGGCACTAAAGGACATCAATGATTACACTGCAGAGCAATTTAG
AGAATATCAAAGGCAGTGGAGGAATATGAAATTTTATTAAATATTACAGCTATGTAAGGT
TCCTCTGAAGGCAGAGTATTGGCTCAGATAAAATGCTATGAATTCCTTCTTTATTGGAAGA
TTGGCAGTTAGTTTTTTGTACCTACTCCAGATAACCCATTCAAGACACCTATCGATATAT
TGATTCAATTAGCCACTCGCTGTCTGATAAAAACCCCCCTAAGGAAAAAGAGGATCCCTA
CAAGGGGTTAAAGTTCTGGGATGTGGATCTTACTGAACGGTTGTCACTAGATTTGGATCA
ATACTCTTTAGGTAGAAAGTTTTCTATTTCAAGCCGGCTTACAGCAGACGACCGTAAGCGG
TACAAAATCAGTGTCTTATCGAGGGTTTACCAGAGGAACCAAGCGCAAAGCGAAAACAGTA
ATATGACCGTTTTTGGTACAGATTTATAAACTTTTACACAGTATTCAAGGAATGTTTGTT

TACTCTGACTAAGTATAACTCTACCAAGGGAACCGACCGCACCCGGTACAGTCAACGATA
CTGCTGCCAATATAGACTCTGTTTAGTGCCAGAACATATCATCTTGGAAGCAGATCGACC
GTGTTTCGTTGTAACACGCTCGGATTAGAGACATTGCCAAGGAAGATTTAATCTACAATCG
CTGTTGGCAATCGCTTTTGGCTGAGATAGCTGACCGGTAACG

>gi|1020210|gb|U31784.1|HPU31784_Human_papillomavirus_type_29,_complete_genome

TATAAACTATCATCTTCATAATAAAAAGTAGGGAGGGACCGAAAACGGTACGACCGAATG
GGGTACATATAAAAAGACATCACTGCAGCGTGGCAGAAGCCATGTCCAGAGGTGATGGCT
ATCCAAAAAATATATTCCTGTTGTGTCAGAGACAGTGGAGTACCATTTGAGGACCTTCGCC
TACAGTGTGTTTTCTGCACGAAAGAGCTAACCAGCCCAGAACTGGCAGCATTTTGCATTC
GGGAATTAATGTGGTGTGGAAGAGTGGAGCTCCGTACGGTGCATGTGCACGCTGCTTAT
TGTTTTGAAGGCATAAAGCGGCGCCTAAAAATACTGGCAGTATTCTTGTTTTGTGGAAGGCG
TGGAAGCGGAGACAAACGAGTCCATATATACACAGCTAATTCGCTGCTACATGTGCCACA
AGCCACTTGTTCAGAGAGGAAAAAGACAAACACCGAAACGAAAAGCGAAGACTACACAAAA
TTTCTGGTACTGGAGAGGGAGTTGCCTGTATTGTTGGTCACGATGCATGGGCCAAAGCC
CACGGTAAAAGATATTGAATTGGATCTTGCACCAGAGGCCGTACCTTTAGTATGCAATGA
GCAATTAGACAGCTCAGATGAAGAAGATTGTATAGATGTTGTGGAACCAGCACAAACAGGC
GTATAGGGTGGTAACTTTGTGTACAAAGTGTAGTACAACACTGCGACTGGTGGTAGAGAG
CAGCGAAGCAGATATAAGGGCATTCCAGGAGCTCCTACTACGCACATTGAAGATCGTGTG
TCCTCGCTGTGCGTAACTGGACATGGCCGATAACTCAGGTACAGAGGGGGAGGAGGAGGA
CTGTTCTGAGGCGGAACCGGCTGGAGGATGGTTTCATGGTAGAGGCTATAGTAGACAGACG
GACAGGGGACACAATATCCAGTGCAGGAGTAGGAGGATGAGGGTGAAGACATGGTAGA
CTTTATAGATGATAGACCTATAGGGGACGGACAGGAAGTAGCACAGGAACGTGTGCTGCA
GCAAGCAGCTGCGGATGACGATGAAGCAGTGCACACTGTAAAACGAAAAGTTTGCTCCCAG
TCCCTATTTTCAGCCCTGTGTGTGTGCCCAGCATAGAACATGAGCTAAGTCCCAGGCTAGA
CGCCATAAAGCTGGGACGGCAGTCTCTAAAGCCAAACGGAGGCTATTCCAACCTACCGGA
CAGTGGGTATGGCCAAACACAGGTGGATACGGACACGGGACCAAGCCAGGTACAAGATGG
TTGCGAGACGGGTGATCAAAATGGCCGACAGCAGTATAAGGAGGGGAGTGGTACAAAGGA
TGGGGAAAAATGGCAGCCAAGAGGAGGAGCGTGCAGGAGGGGATGGGGAGGAATCGCAACC
TCTGAGTACAGAAACAGAGAAAGGAGCATGTGGTGTGTTGTCTATACTGAAAGCTAGTAA
TCAGAAAGCAACCCTACTAGGTAAGTTTAAAGAACAATTTGGACTTGGATATAATGAATT
GGTTAGGCATTTTTAAAAGTAGTAGGACAGCATGTGTGGATTGGGTAGTGTGTGTGTTTGG
GGTGTACTGCACTGTGGCCGAGGGCATAAAACAGTTGATACAGCCACTATGTGAGTATGC
ACATATACAAGTGCTACCCTGTCAATGGGGAATGACAGTGTTAATGCTGGTGCAGTACAA
ACGTGCCAAGAATAGGGAGACAGTAGCAAAAGGTCTTAGTACTTTATTAATGTACCAGA
AAGCCATATGTTAATTGAGCCACCTAAACTAAGAAGTAGTCCAGCAGCATTTGTATTGGTA
CAAACTAGTATGTCCAATATTAGTGATGTGTATGGCGAGACACCTGAATGGATAGTAAG
ACAGACAATGGTAGGTACGCATTACAAGAAGTACAGTTTCAGTTTATCTGAAATGGTACA
ATGGGCATATGATCATGATATAACAGATGAAGGTACCTTGGCATAACGAGTATGCATTGAT
AGCAGATGTAGACTCTAATGCTGCAGCTTTTCTTGCCAGCAATTGTCAAGCTAAATATGT
AAAGGATGCTTGCACAATGTGCAGACATTACAAACGGGGTGAGCAGGCACGAATGTCCAT
GTCTGAGTGGATACGGTTTAGAAGCAACAAAGTACAGGGAGAGGGGGACTGGAAACCAAT
AGTACACTTTTTAAGATACCAAAATGTAGAATTTATACCATTTCTGTGTGCCTTTTAAGTT
ATTCTACAAGGCATACCCAAGAAAAGCTGTTTAGTGTTTTATGGACCTGCAGACACAGG
GAAGTCATATTTTTGCATGAGTCTGTCTAAAATTTATGGGCGGTGTTGTAATTTTCATATGC
GAATTCACACAGCCATTTTTGGCTGCAGCCATTGTCTGAAGCTAAAATGGGTCTGCTAGA
CGATGCAACAAGCCAATGTTGGAGTTATGTAGACACATATTTAAGAAATGCATTGGATGG
GAACGTAATGTGCATAGATAGAAAACACAGGTCCCTACTACAACCTCAAATGCCCTCCACT
ACTAATAACTACCAATGTGAATCCGTTGGAGGATGACAGATGGAAGTATTGCGCAGCAG
ACTCAGGTATTTCACATTAGCAATCCATTGCCATTAAACAAGTAAAGGAGAGCCAGTTTA
TACTACTAATGATCAAAATTTGGAATCATTTTTCAAAGGTTATGGGCACGTTTAAGCCT
TACCGACCTTGACGACGAGGAGGAAAAATGGAGAACCTAGCGAACCGTTTAGATGCGTGCC
AGGACAAAAATACTAGAAGTGTATGAAAAGAGATAGCGACAAACTTGAGGACCAGATCACGC
ATTGGTATCTTATGCGTGTAGAGAGTGCGTTGTATTATAAAGCAAGAGAATGTGGAATGA
CACGTATAGGCCACCAGGTGGTGCCAACACTTAGTGTAGCTAAAGCTAAAGCATGCAGTG
CTATTGAAATGCATGTAGCTTTACAACAATTGCAACAAAGTGCATATGGAAAGGAACCAT

GGACACTTCGGGACACTTCACGAGAAATGTGGGACGCAGTACCAAAGAGGTGCTGGAAAA
AAAGAGGAGTGACTGTGGAAGTTAGATATGATGGAGACGAGACTAAAGCAATGTGCCATG
TACTGTGGAAGGACATAATTGTACAAAACCTTAGTGATGACCAGTGGGTAAAGTTAAAG
GTCAAGTCTCATATGAGGGGCTATATTATGTGCACGAAGACGTAAAAGTGTTTTACGTGA
AATTCCATAAAGACGCACGTGTGTATGGGGAAACAGGCATATGGGAGGTGCATGTGGGAG
GCAAAGTAATTCATCACAATGCATTTGACCCTGTATCTAGCACACAAGAAGTACCCGCTA
CTGGACCTCTATACGCCTCCCAACACCACCCGCTCGCCACCCAAGCCCCGTGGGGC
CTGAGGAGGGACAGGAACGGAAACGACGCAGGCTTGAAGCAGTCGGGCCCTGGGCCACAGC
AGCAGCAGCAGCAGCAGCACCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGACCCCGACCCACACCCCCT
CCACGCAAGCCTGTGCACGAACGGGTGGACCAGTGGACAGTAACAGGACCCGGGACTGTG
ACTCTACAAGTCAAAACCCCTACCCGACCCCAAGTGATCCTGACTGTGCACCTGTAATAC
ACTTACGAGGTGACCCAAACAGTTTAAAATGTTTTAGATATAGGTTACAAAACGGAAAAA
AAGGGTTGTACTGTAAAGCATCGTCCACGTGGCGGTGGTCCTGTGAACCAGAAAATCAAT
CAGCATTTGTAACAATATGGTACACAAGTGTTACACAGCGAGCCGAATTTTGGCTAATG
TTAAAATACCACCAGGTATGCAGGCCATTTAGGCCATATGTCTGTGTTTGACTACTGT
GCCACAACGTGTAGCAGCCTGGATTTTTATCTGTGTCGACTGTCTCTGTGGGTGTATTTT
GTGTTGCTTCTGTGTCTTTTCTGGCTATCTGTGCTTCCTGCGCTTACTTGCTACTTGGCC
ATTGTGTTGTGTTTATACCTAGGATTGGTGGCACTATATTTACAAGTTGTGCAGCACATT
GCACGAAACACTTAGGCTATCATGTATCCTATAATAATTATAGATGGGTATGGGGATCGT
ACTATTGTGTTGTTTATAGCTTATAGACATTTGGGATTATTATAACCTGTATATAACCTG
TGCCTGTTGTTTATTTATAGTTTTATAGACATTTGGGATTATTATAACCTGTATATAACCTG
TATTTGTACATATACATGTATTTTATATGTGGCTGTGGTAATACGTGTATTGTATACATG
GCCATACAATTTGTGCATGTGTTTTTAAAGTTCTACCACTTTTTTTTGTTTTTTTTGTTGTT
CCTTTGTTTTTACAGTTCAATAAAGCAACCATGGTGGCACATCGTGCAAGGCGTCGCAAG
CGTGCATCCGCCACAGAGCTTTATAAAACCTGCAAAGTTGCAGGCACATGCCCCCTGAT
GTTATTCCAAAAGTTGAGGGCACCACTGGCCGACAGGATATTGCAATGGGGCAGTCTA
GGTGTCTATTTGGGTGGGTAGGTATCGGTACTGGGTCTGGCACTGGAGGTCGCACAGGT
TATGTCCCTGTCCGCACTCGGCCAGGCACTGTTGTGGATGTTAGTATTCCTACGCGGCCT
CCTGTGGTTATTGAGCCTGTGGGCCCTTCTGATCCTTCTATTGTTACCTGTTAGAAGAA
TCCAGTGTAATTAATTCGGGTGCTACCATACCACCTTTACTGGTACATCCGGGTTTGAG
ATAACATCATCTGCCACAACCTACCCCGGCTGTGTTAGATATAACCCCTGCTGGTGACAAT
GTAGTCATTACTAGCACAACTTTAATAATCCTTTATTACCGAGCCTTCACTCTTGGA
ATTCCACAACTGGAGAACTTCTGGACGTGTCCTGGTGGGCACACCCACCTCGGGTGTC
CACGGGTATGAAGAAATACCCATGGACACGTTTGCCACCTCTGGAACCTGGGTTAGAGCCT
ATTAGCAGCACTCCCGTCCCTGGTGTGACGAGGTTGCAGGTCCCCGCTCTATGGCAAG
GCCCTAACACAGGTTAGGGTGTCTGATCCTGCGTTTTTGGTACTCAGCCTTCTTCGTTTGTA
ACCTTTGATAATCCTGTGTATGATCCTGAGGATGAACTATTATTTTTGAGCGTCCTTCT
CCCGGCACTCGTGTGCCTGATCCCGATTTTATGGATATTGTTAAGCTGCATAGGCCCGCA
TTAACATCTCGCAGGGGCACGGTGCGCTTCAGTCGCGTTGGTCAGAAAGTTTAGCATGCGC
ACTCGCAGTGGCACAAACATAGGTGCCAGGGTTCACTATTATCATGACCTGAGTCCCAT
CTTCCACCCGAGGACATAGAGTTGGAACCACTGCTCCCCCTGCAGATCCCACTGCTGAG
GAGTCTCTGTATGATATATATGCTGATGTGGACGAGGCTGACATGGCTTTTACAGGCGGT
GGTCGCGGCGCCACCACCTTACGGGGGTGCGATTACTCCATCTGTATTTTCTCCACACTG
TCTACGAGGTATGGCAATGTCACTATTCCATTCGTGTCGCCAGTTGATGTGCCTTTACAC
ACGGGCCCTGATATTATTCTGCCCTCCTCTGCACAATGGCCTTTTGTTCCTGTAGCACCC
GCAGACACGACACATTATGTGTACATTGATGGAGGGGATTATTTTTTGTGGCCTGTTACC
TTTCTGTGTCCCGAAAACGTCGCCGTAAACGTCCTTCATATTTTCTTGAGATGGCTTT
GTGGCGCTCTAGTGACAACCTGGTGTAACCTGCCCTCCACCCAGTCTCAAAAGTTATCAG
CACGGACGACTATGTGACACGACACAATAATTTATTATTATGCAGGCAGTTCTCGCCTGCT
CACTGTGGGTATCCACATTATTCAATTCCCAAATCCTCTGGTAATAAGTAGATGTGCC
TAAGGTGTCTGCATTTTCAGTACAGGGTTTTCCGTGTGCGTTTTGCTGACCTAATAAGTT
TGGTTTGCCCGATGCCCGCATATATAACCCCTGAGGCAGAACGTTTGGTGTGGGCCTGCAC
TGGTGTGGAGGTAGGTGAGGGCAACCTCTCGGTGTGCGGTTGAGTGGACACCCCTCTGTA
TAACAAACTGAATGACACAGAAAACCTCTAATATTGCACATGCTGAAAATGGTCAGGATTC
CAGGGACAACATTGCTGTTGACTATAAGCAAACACAACCTGTGCATTCTGGGCTGTACGCC

TCCCATGGGCGAACACTGGGGTAAGGGCACTGTGTGTGCACGCACTAGTTCCGCTGCTGG
TGATTGCCCCCCTGGAGTTAATGACCACACATATTGAGGATGGCGATATGGTGGATAC
CGGGTACGGTGCCATGGACTTTGCTGCTCTGCAAGTTAATAAGTCTGATGTGCCCTTGA
TATTTGCCAGTCTACGTGTAAATATCCTGACTACTTAGGCATGGCTGCTGACCCCTATGG
CGACAGCATGTTTTTTTTTCTGCGTAGGGAACAACGTGTTGCCAGGCACTTCTTTAATCG
TGCTGGTGTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCCTGTACTTAAAGGGTAACAACGGGGC
AGAAACTCCTGGCAGTGCCATATACAGTCCCACACCTAGTGGGTCCATGGTAACGTCTGA
GGCTCAAATATTTAATAAGCCTTACTGGCTACAGCAGGCCAGGGACACAACAATGGTAT
ATGCTGGGCCAATCAGGTATTTTTAACTGTGGTGGACACCACACGCAACCAATATGTC
GTTGTGTGCTACCACAGAGTCTCAACCGTTGACCACCTTATGATGCTACCAAGATTAAAGA
ATATTTGAGACATGGGGAGGAATATGATTTGCAGTTTATTTTCCAGTTGTGTAAAGTTAC
ATTGACACCTGAAATTATGGCTTACCTTCATACTATGAACAGTGCCTTACTTGAAGACTG
GAATTTTGGATTGACATTGCCACCTTCCACTAGCTTGGGAAGACACGTATAGGTTTGTAAAC
ATCCTCTGCCATAACTTGTCAAAAAGATTGCGCCCTACAGAAAAGCAGGATCCGTATGC
AAAGCTAAATTTCTGGGATGTAGATTTAAAGGATAGATTTACCCTGGATTGTGCACAGTT
TCCCCTGGGACGTAAATTTTTATTACAGATCGGTGCGCGCCGGCGTTCAAGTAGTCCCCTC
CAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCTGCAAAGCGAAAACGCTCGAAAAA
GTAACCCAGTGTGTGTGTGTGTGTATGTTGTGTAAATGTAATGTGTGTATGTATTTATT
ACCATATGTGTTTGTATGTCTGTATGTCTGTACAATGTATGTATGTATATACTTCAACTATG
TATGTGTGGATGTATAAAATAAAGTATGTCTACATAGTTTTTATATTTTATACATATAATTGT
TTGCTGAGTAAGAAGTTAAGGTATAGGTACAGGGGACCGATTTCGGTCTAAAATGGCCGCC
GGTGCAGGTGTGCACACCCTAATTACTCATATTATTCAATTTCTGCGACATGCCGTCT
CACGCACAGTTTTTGGCAGCAATTTTTTGGCTTCCACTGTTTTATTTTACTGCTGTATCATT
CTTCTTGGCAAGTTTGCACATATACATTGCAAATTCGCTGCTTCTGGGCACCAACTTATT
ATGACTACTTTCACATAATTACTGTCTTGGCCCAGTTTTCTAAGTTATCTTGCCAATAAA
ACGTGTTTGCAAATCTCCACCTTAACAATGTGTTTCCATGACACACCTAATCCGGTCGCT
GCTTGCTTTCTAACCTTAATTAATGCAGCTGCCACACCTGTCTTTCTAACTATAAT

>gi|1020202|gb|U31783.1|HPU31783_HumanPapillomavirus_type_28,_complete_genome

TAAATAATAATGAACAGAAGCAAAAGTAGGGAGGGACCGAAAACGGTACGACCGAATGGG
GTACATATAAAAAGAGGCTTACATTGAATGGCAGAAGCTCAATGGATGACCAACGGCCTA
AAAACATATTCCTATTGTGCAGAGACAGTGGAATATCATTTGATGACCTCCGTTTGCCT
GCATATTCTGCGCCAAAGTGCTGACCACAGCGGAGCTATCAGCATTTGCATTAAGAGAAC
TAAATGTGGTGTGGAGAACGGGAGCGCCCTATGGTGCCTGTGCCCCGTGTTTACTACTGC
AGGGCATTGTGCGACGCCTGAAGCACTGGGACTATTCAATTGTATGTGGAAGGCGTGGAAG
AGGAGACAAAACAATCTATAGATACACAGCAAGTGAGATGCTACATGTGTACAAACCAC
TGGTTAAAGAAGAAAAGGACAGACACAGGAACGAACGGCGACGACTGCACTGCATAGCTG
GCTACTGGAGAGGGAGCTGTCAATACTGCTGGTTAAGATGCACGGTCCGCATCCCACAGT
AAAAGATATAGAATTGAGTCTTGCACCAGAGGACGTCCCAGTGCAATGCAATGTGCAATT
AGATGAAGAAGATTATACAAATGTGGAGGAACCAGCACACAAGCGTATAGGGTGGTAAC
ACTGTGTCCAAAGTGTTAGTTTCAACCTGCGACTGGTGGTAGAGTGACGCCACGCAGATAT
AAGGGCATTGGAGCAGCTCCTGTTGGGCACACTGACGGTCGTGTGCCCTCGCTGCGTGTA
ACTGGACATGGATGATACTTCAGGTACAGAGGGGGACGAATGTTTCAAGATTGGAACGGGC
TGGGGGATGGTTTATGGTAGAGGCCATAGTAGACAGGCGGACGGGCGATAAGCCATCTAG
TGATGAGGATGAGGACGAGGATGCAGACGAAGGGGAAGATTTTGTAGATTTTATAGATGA
CAGGCCTGTAGGGGATGGACAGGAAGTGGCACAGGAACGTGTTGCTGCAGCAAGCAGCTGC
AGATGATGATGTAGCAGTTTCAAGCTGTAAAACGAAAGTTTGTCTCCAGTCCGTATTTTCA
TCCTGTGTGTATGCAACCCAGCATAGAAAATGAACTCAGTCCGAGGCTAGATGCCATAAA
GCTGGGGGAGACAGTCTGGGGACAGCCAAACGCCGGCTATTCCAGCTACCGGACAGTGGGTA
TGGCCAAACACAGTGGGATCGGAATCGGGACCCTGCAGGTACAGGACATTTGTGAGAC
GGGGACACAAGATGGCGCCAGGACGCGGATGAGGGGAGCGGTAGGAATGTGGGGGGAAA
TGGCGGCCAGGAGGAGGAGCGTGCAGGAGGGGATGGGGAGGAATCGCAGACTCAGGGTGT
ACAAACAGACAAGGCAGCCTGTGGAGTGTGGCAATATTAAGAGCTAGCAATCAAAAAGC
TACGCTACTCGGTAAGTTCAAAGAACAATTTGGGTTGGGATTTAATGAACTTATCCGACA
CTTCAAAAAGTAGCAAAACCGTTTGCCTAGATTGGGTGGTATGCGTGTGTTGGGGTATACTG
TACATTGGCAGAGGGCATTAACCAATTGATACAGCCTCAGTGTGACTATGCACACATACA

GGTGCTGTCCTGCCAATGGGGGATGACAGTGCTGATGCTGGTACGGTACAAACGTGCCAA
AAACAGAGAAACTGTGGCTAAAGGATTAAGCACATTACTAAATGTGCCAGAGAGCCACAT
GTTGATAGAACCACCTAAACTAAGAAGCGGCCAGCAGCGCTGTATTGGTATAAGACAGC
CATGTCAAACCTGTAGTGATGTGTATGGGGAAACACCAGAGTGGATAGTGAGACAAACGAT
GGTTGGACATGCACTAGAGGAAGCACAGTTTAGTCTGTCTCGGAGATGGTACAGTATGCATA
CGACCATGACATTACAGATGAGAGCATGCTGGCATTGTAATATGCACTACTAGCAGATAC
AGATGCCAATGCAGCCGCTTCCTAAGTAGCAATTGTCAGGCCAAAATATGTAAAGGACGC
TTGCACAATGTGCAGACACTACAAAAGAGGTGAACAGGCGCGCATGAACATGTCAGAATG
GATATGGTTTCAGAGGTGATAAAGTACAGGGCGATGGGGACTGGAAACCCATAGTACAATT
TTTAAGATATCACGATGTGGAATTTATACCATTCTCTGTGTGCCTTTAAAAACCTTCCTGCA
AGGAATTCCAAAAAAAGTTGTTTTAGTGTTCTATGGTCCAGCAGATACAGGAAAGTCATA
TTTCTGCATGAGTCTATTAAAGATTTCTAGGTGGGGTGGTAATATCTTATGCCAATTCAAA
CAGCCATTTTTGGTTGCAACCGTTAGCTGATGCCAAAATAGGGTTGCTAGACGATGCCAC
CAGCCAGTGCTGGTGCTACATAGATACGTATTTAAGAAATGCATTAGATGGAAACCAGGT
TTGCATAGACAGGAAGCATAGAGCACTGCTACAGCTGAAATGTCTCTCTCTATTAATAAC
AACAAATATAAATCCACTAGAGGATGACAGATGGAAGTATCTGCGCAGCAGAGTACAAC
GTTTACATTCAAAAACAAATTTCCATTAACAACACAAGGAGAACCCTGTATACACTTAA
TGATCAAAATTGGAATGCTTTTTTCGAAGTTGTGGGCACGTTTAAGCCTTACCGATCC
TGACGACGAGGAGGAAAAATGGAACCCCTAGCGAACCGTTTAGATGTGTGCCAGGACAAAA
TGCTAGAACTTTATGAAAAGATAGCAACAACTTGAGGACCAGATAAATGCATTGGCAAT
TGATGCGTGTAGAAAATGCTTTGTCTGTACAAAGCAAGGGAATGTGGATTGACACATATTG
GCCATCAGGTGGTGCCACCTCTTAGTGTAACATAAGCTAAGGCACGCAGTGCCATTGAAG
TGCATGTAGCTTTGCTACAATTACAAGAAAAGTGCATATGCACAAGACTCATGGACACTGC
GAGACACATCACGAGAAATGTGGGACACAGTACCCAAGAAGTGCTGGAAAAAAGAGGTG
TAACCGTGGAAGTTAGATATGATGGAGACGAAACCAAATCCATGTGTTATGTACACTGGA
GAGACATATTTACTCAGAACTATAGTGATGATAAATGGGTAAAGGTGGCAGGACACGTGT
CATATGAGGGACTGTATTACATACACGAAGGAGAACAACATTTTATGTCAAATTCAAAG
ATGACGCGTACGTGTATGGGGAAACAGGAAAATGGGAGGTACATGTGGGAGGCAAAGTAA
TTCACCACCATGCATTTGACCCCGTATCTAGCACACGAGAAATACCCGCTGCTGGACCTT
TGTGCACCGGTGACACCACCAAGGCGTCGACCGAAACCTCGGTGGGCGCGACCGAAGGAC
CGCAGCAAAAACGACAGCGACTCGAGACACTCAACTGGGAGCAGCAGCAGCGACAGTACC
CCCAAACCCCTCCACGCAAACCACTGAACGAGCAAGTCAACCACTGGACGTTACAAGGA
CCAGCGACTGTGACACTACATGTCCATACACCGTCGGGCACCAAGTGACCCTGACTGTG
CACCTGTAGTACACCTAAAAGGTGATCCTAATTGCTTGAAATGTTTTAGATATAGGTTAC
ACAAAGGGAAAAAGAAAAGTGTATTGTAAAACCTCTTCCACATGGCGGTGGAGCTGTGAAT
CAGAAAATCAAGCAGCTTTTGTAACTATTTGGTATACAAGTTATTCACAGCGTAATGAAT
TCTTGTCCACTGTAAAGGTACCACCTGGTATACAGGTAATATTGGGACATATGTCAATGT
TTGTATAATTATCGAACCGTGTGGTGATACAGTGTGCAGACTGGATACTTATTTGTGCAG
GCTACATTTTTTGGGCTTATTTTTGTGTGCTGCTGTGTTTCGTTTTGGCTGTGTGTGCTTCC
TGCGCTACCTTGCTATCTGGCAATTGTGCTGTGTTTGTACCTGGGCTGGTAGCATTATA
TTTGCGAATTGTATCACATATTGTACAAATCAATACATAAGCCTTGCTATGTATCCTTTG
GTGCTAAGGGACAACAATGGCGATCATACTGTCTGTTTCTGGAGCCAGATGACGTGTAT
CTATTGTTGTTGTTTATATTTTTTGTATATACTTGCATTGTTTATCTTGTATAGACATTTG
GGTTTTTTGTAACGTGTGTAGTTGTGTGTAGTTGGTCACCACAATGTATTTTTTAAGTACT
GTGTATATCCCAGTGTGCTATTGAGCCACTGCCTTTTCTACACTTGTTTTTTTTTTTTTAC
AGTTCAATAAAGCAACCATGGTGGCACATCGTGCAAGGCGTCGCAAGCGTGCATCCGCCA
CACAGCTTTATAGGACCTGCAAGGCCGACGGCACATGCCCCCTGATGTTATTCCAAAAG
TGGAGGGCCTACTCTGGCAGATCGTATTTTGCAAGTGGGGCGGGCTGGGTATTTATTTGG
GGGATCTGGGGATTGTTGTTACCGATCTGGGACAGGGGGTGCACAGGGATATGTTCTCTTA
GCACACCGGCTGGGACTGTTGTTGATGTTAGTGTCCCTGCTAGGCCTCCTGTGGTAATTG
AACCTGTAGGACCATCTGACCCCTCCATTGTAACTTATTGGAGGACTCCAGTATTATCA
ATTCGGGTTCCACCGTTCCAACCTTTTTCTGGTACTGGTGGCTTTGAGGTGACTTCTTCAG
CCACAACCTACCCCTGCTGTGTTGGACATCACCCCTGCCACTGACAATGTGGTCATTAGTA
GTTCCAACCTTTACCAACCCTGCCTTTACTGAACCTCGTTGTTAGAGGTTCCCCAAAATG
GTGAAGTGTCTGGGACACATTCTTGTTAGTACCCCCACGGCTGGTACACATAGTTATGAAG

AAATACCTATGGAGACATTTGCTTCGCCAGGTACTGGCAATGAACCTATTAGTAGCACCC
CTGTACCTGGTGTAAAGTAGGATCGCTGGACCCCGTCTATATGCCAAAGCTGTCACACAGG
TTAAAGTAACAGATCCTGCTTTCTTGTCTCGTCCCACCTCATTGGTTACTTTTGACAATC
CTGCATTTGAGCCGGGGGATGAAACTATTATATTTGAACGCCCATACCCCTCCCTCACAAG
TGCCTGACCCAGATTTTATGGACATCATACGTTTGCATAGGCCTGCCTTAACATCTCGCA
GGGGTACTGTGCGTTTCAGTCGCCTCGGTACAAAACCTTAGCATGCACACTCGCAGTGGCA
AGGGTATAGGAGCTAGGGTACATTATTATCAGGACCTAAGCCCTATAGGCCCCACGGAAG
ACATTGAAAATGGAGCCTTTGCTTGCTCCTGCTGAAAACGCTGCTGGGGATTCTATTTATG
ATGTGTTTTCGGACGTGGAGGACGCTGACATAGCTTTTACTGGTAGAAGTCGCAGCGCCA
CGTCATCTCGGGGATACACTACGGTGTCCCCACTGTCTTCCACACTAACTACCAAGTATG
GCAATGTCACCATTTCCCTTTGTGTCTCCTGTGGATGTGCACTTACACCCCTGGGCCTGATA
TTATAACGCCTGCGTCTACGCAGTGGCCGTTTGTGCCCTTGTTTCTGCTGACACAACCC
ATTATGTGTACATAGATGGCGGGGATTTTATTTATGGCCTGTTACCCTGTTTGTACCCC
GACGTCGTGCGCGTAAACGTCTCTCATATTTTCTTGACAGATGGCACTGTGGCGCTCTAGT
GACAACCTGGTGTACCTGCCTCCCACCCCTGTTTCCAAAGTTCTCAGCACGGACGACTAT
GTGACACGCACCAATATTTATTATTATGCAGGCACTTCTCGGTTGCTGACCGTGGGTTCAT
CCTTATTTTCCCATTCCTAAATCATCCACTAACAAAGCAGATGTGCCCAAAGTGTCCGCC
TTTCAGTATAGGGTATTTCCGGGTGCGGTTGCCTGACCCAAATAAGTTTGGCCTGCCAGAT
GCACGATATATAACCTTATGCAGAAAGACTGGTCTGGGCTTGCACTGGGGTTGAGGTA
GGCCGCGGGCAGCCTTTGGGTGTCGGCCTCAGTGGACATCCTCTCTATAACAAGCTAGAT
GACACTGAAAACCTTAACATAGCACATGGGGACATTGGACAGGATTCCCGAGACAACATA
TCTCTTGATAATAAGCAGACGCAGCTATGTATTGTTGGTTGCACCCCTCCAATGGGGGAG
CATTGGGGCAAGGGGACCCCATGTCTGTCAAAATACACAACAGGGAGATTGCCCTCCGTTG
GAGCTTATAACTGCCCTATTACAGGATGGTGATATGGTGGACACTGGCTTTGGTGCAATG
GACTTTGCTGTATTACAGGCCAATAAATCGGACGTGCCCTTAGATATTTGCCAGTCCACT
TGCAAATATCCTGATTATTTAGGCATGGCCGCGGAGCCGTATGGCGACAGCATGTTTTTT
TACTTGCGAAAGGAACAACTTTTCGCTCGGCATTTTTTTAATAGAGCTGGTGTGCTGGG
GACACCATTCCTGAAACATTGTATATTAAAGTTCAGGGCAACGGGAGGGATGTGATTGGT
AGTGCTGTGTATAGTCCTACACCTAGTGGATCTATGATCTCCTCTGAGGCCAGCTTTTC
AATAAGCCATATTGGCTGCGGCGTGCTCAGGGACACAATAATGGTATCTGTTGGGCCAAC
CAATTGTTTGTAACGTAGTGGATACTACACGCAGTACAAACATGACGTTGTGTGTTTCT
ACTGACTCTTCAGCTACGTACGATGCTAGTAAATTTAAGGAATACTTAAGGCACGGGGAG
GAGTACGATTTGCAGTTTATATTCCAGTTGTGTAAAGTAACCTTGACCCCTGATATTATG
GCATATTTACATACCATGAACAATAGTTTATTGGAGGACTGGAACCTTGGGTTGACTTTA
CCACCATCCACTAGCTTGGAGGACACGTATAGGTTTCATATCTTCTCTGCCATTACCTGT
CAAAAGGATGCTTCCCCCACTACCAAGGAAGACCCTTACGCTAAACTAACTTTTGGGAA
GTGGATCTTAAGGATCGCTTTTCTCTTGATCTATCGCAATTCCCTCTGGGAAGGAAATTT
TTAATGCAGTTGGGTGTAGGTGCCCCGCTCCAGTGTCTCCGTTTCGCAAACGTCCAGCGTCC
ACCACGAGAGGATCGTCTGCTGCAAAAACGAAACGCGCCAAAAAGTAGCACTACTGTGTT
TTGTATGTTTGCTGTTGTTGTCTGTGTGTCAGTGTATGGGCGTCCCTGATATGTGTTT
GTACAAAGTATGGTGTATGTATTTGTGTATGCATGTAATGTGGTTATAACTGTGTTTGT
ATGTTTGCCTGTTGTTGTCTGTGTGTCAGTGTGTGGGCGTCTGCTATGTGCTTGTACA
AAGTATGGTGTATGTATTTGTGTATGCATGTAATGTGGTTATAAGTTATCATAATAAACT
GTGTCACATAGTTTTATATTTTTTAATTTCTGTAATTGCTGATCCTGTGAGTAAGAAAGG
TGGTTCCAGGTCAAGCGACCGATATCGGTATCCAAAATGGCCGCTATGCAGGTGTGTTT
CAGGTGTGCTTAATACCAATTAGTCATACAGATCCATATCCTGCAAACCTGCCCTGTCTC
GCAAGTTTTTGGCTGTGATACTATCTTCTATAGTTTATTTTCAATTTGCTGTATCATTCTT
TCTGGCACGTCAAAATGTCTCCATTGCAAAATTAACCTGCTCCTGGGCACCAACTTATTATG
ACTACTTTACATAAATTAATCTTGGCTGGGTTTTATAGGTTGCCTTGCCAAATAGAATG
TGCTTCCAAATCTCCACCAAGACACACCTAATCCGGTCGCTGCTTGCTTTCTAGCCATAA
ATTAAGCAGTTGCTACACGTTTCTTTCCAACATAATTA

>gi|1020186|gb|U31781.1|HPU31781_Human_papillomavirus_type_23,_complete_genome
AGCAGATACCATCAGCACCTGGAGCGACCGCCAAGACTTCGCCAACTTGGCAGAACATTT
GTTGGCAAGAAAAGAGCACCGATAACGGTAAGAAGCTTTTATTTTTTGGACCGTAGGCGTTC
ATTTACTAACCTTGGCAACAATTGTGGTTAACAACAATCATAAGCCAATAATACATGCAA

CCGCTTGTGGTAATTTATTATGCAGACTGTGCATTATTTAAGTAGGATGTGCTACACCAA
ATTATTGATGGACTCGACGCGACCACTGACGGTACAGCAACTTAGTGATAAGTTGACAGT
ACCAGTGGTAGATCTCTTGCTACCTTGCAGATTTTGTCTAGGTTTCTTACCTATTTAGA
GTTGCGAGAATTTGATTATAAACATTTGCAGTTAATCTGGACAGAAGAAGATTTTGTATT
TGCATGCTGCAGTGGCTGTGCTTATGCTTCTGCTCAATTTGAAATTCACAATTTTATCA
GCTAACTGTGTATGGTCGTGAAATTGAGCAGGAGGAGCAACGACCTATAGGCCAAATTTG
TATTAGGTGTCAGTATTGTTTGAAGTCTCTCGATTTGATAGAAAAGCTAGATATCTGTAG
TTTTAATCAACCATTTCAACAAGGTTAGAAAATCATTGGAAGGGAAGGTGCAGGCATTGTAA
GGAAATAGAATGATTGGGAAACAAGCTACTCTTCGTGATATAGTTCTTGAAGAGCTTGTC
CAGCCCATTTGACCTGCATTGCCACGAGGAGCTCACTGAAGAGGTAGAAGAAGCAGTCGTA
GAGGAGGAGCCTGAATACACTCCTTACAAGATCATCGTAGTTTGTGGAGGCTGTGAGACA
CAGTTAAAGCTTTACGTGCTAGCCACAGATTTTGGAAATTCGCTCGTTCCAAGCATCTTTG
CTAGAAAACGTGAAGCTGGTGTGTCTGCTGTCGAGAAGACATTCGCAATGGACGACGA
TAAAGGTACTGATACTGCTAAAGAAGGCTGTAGTACTTGGTGCTTATTAGAGGCTGCTTG
TTCTGATGATAGTGACCTAGATGATAGTTTGGAGAAATTATTTGAAGAGAATGCAGAGTC
AGATGTGTCTGATTTAATAAATGATGATGATAATGCTGCTCAGGGAAATTTCCGCGAATT
GCTATGTCAACAGGAGAGTGAGGAATGCGAGCAGCAAATACAATACCTAAAACGAAAGTA
TAATATCAGTCCAGAGGCTGTTTACGAGCTTAGTCCACGTCTACAGTCTTTGAATTTGTC
GCCTGGGCATAAATCTAAAAGGAGATTGTTTGTGGAGCAAGACAGCGGACTGGAGTTATC
TCTAAATGAAGTTGAAGATTTTACTCAAGAGTTGGAGGTACCGGCGAGCGCTCCAGGGCC
GGCAGCCAGGGTGGAGTAGGGCTGGGACATATTGAAAGTTTGTAAAGATGTAAAAATGC
TAAAGCAGTGTTGCTACATAAATTTAAGGAAGGTTTTTGAATTAGTTATAATGAGCTTAC
CAGACAGTTTTAAAAGCAATAAGACCTGCTGTAAACATTGGGTATTGGCCATATATGGTGC
AAAAGAAGAGCTCATAGATGCGTCTAAGCAATTGTTACAACAGCACTGTTCTTATATTTG
GTTGCAGACATACACACCTATGTCACTTTATTTATGTTGCTTTAATGTTGCAAAAAGTAG
AGAAACAGTTGTAAAATTATTGATTTCTATGCTGCAAATACATGAAAATCATATATTATC
AGAACCTCCGAAAAACAGAAGTGTACCTGTAGCTTTATTTTGGTATAAAAGGCAGTATGAA
CCCTAATGTATATGCATTTGGTGAGTATCCTGAGTGGATTGTGACACAAACCATGATACA
ACATCAAACCTGCTGACAGTATACAATTTGATTTGTCTCGTATGATTCAATGGGCCTACGA
TAATGATCATCTTGACGAATGTAGTATTGCTTATAACTATGCAAAATTGGCTGACACAGA
CAGCAATGCAAGAGCTTTTTTtagctcaaaaatagccaagcaaaacatgtaagagattgtgc
acagatgggttaagcattataaaaagaggtgaaatgcgagaaatgactatTTCTGCATGGGT
ACATCATTGCATATCTAGAATTGAAGGTGATGGACAATGGCAAGATATTGTTAAATTTTT
GCGCTATCAGGGATTAAACTTCATTGTATTTTTAGATAAATTTAGAACGTTTTTACAGAA
TTTTCCAAAAAAAATTGTTTGTAAATATATGGGCCTCCAGACACAGGCAAATCAATGTT
TACTATGTCTTTAATGAAAGCACTAAGAGGTCAAGTAATATCGTTTGCAAAATCTAAAAG
CCAATTTTGGCTGCAACCATTAGCTGATGCAAAGATCGCCTTATTAGATGATGCAACAGA
AGTTTGTGGCAATATATTGATATGTTTCTTCGAAATGGATTGGATGGTAATGTAGTGTC
GTTGGATATGAAACATAGAGCACCATGTCAAATGAAATTTCCACCATTAATTATTACATC
TAATATTAGCCTTAAGAAAGAAAAGAAGTTTCCTTACTTGCATAGTAGAATATATGAATT
TGAATTTCCAAACAGATTTCCATTTGATTCAGATGATAAACCTTTGTTTAACTTACTGA
CCAAAGCTGGGCGTCTTTTTTTAAAAGGCTTTGGATACAATTAGGACTCAGTGACCAAGA
GGACGAGGGAGAGGATGGAAGCACTCAGCGAACGTTTCAGTGCCTACAAGACAAGTTAA
TGGACCTGTATGAATCAGGTTTtagaggatCTTgaaactCAAATACAGCATTTGGAACTCT
TAAGACAAGAACAATTTTATTGTATTATGCTCGAAAACGTGGAATTATGCGTTTGGGGT
ACCAGCCGGTACCTCCTCTGGCAACATCAGAAATTAAGCAAAAGATGCTATAGCAATTG
GAATTTTGCTGGAAAGTTTACAAAAATCCAAATATGCAGATGAGCCATGGACATTAGTTG
AGACTAGCTTGGAGACATATTAGAAGTCCACCAGTAGATTGCTTTAAAAGGGACCTAAAA
CAGTGGAGGTGTATTTTtaggagatCCCTGAAAATGTTATGCCATATACAGTATGGTCTT
ATATTTACTATCAAACCTGATGAGGACACTTGGGAAAAGGTTGAAGGACATGTGGATTATA
CAGGAGTCTATTTTATGAGGGCCAACCTTAAAAACTATTACATTAAATTTGAAGCAGATG
CAAAGCGCTTTGGTACTACAGGAATGTGGGAAGTACATGTTAATAAAGATACTGTCTTTA
CCCCTGTTACTAGTTCTACGCCGCCAGTTGGAGACGCCTCCAACAACGCCGTTCCCGAAG
CATCTACCACCTCCTTGCTCTCCCCACAACGGTCAACCATCCACCAACCGCCGATACGGCC
GAAAAGCATCTAGCCCTACAGCCACCACCAGGAGGCAAAAAGACAAGGAAAAGAAACCC

TCACCAGGCGAAGAAAAACCAGATCAAGGTCCCGGAGCAGAGAGCAACGGGGGGGGAGGG
AAACCCAAAGATCCTCCTCCAGAGGAGCCTCAAAATCCCCCGGCGGGGAGGGAGAAGTG
GAGGGGGGCCCCCTACCCGCTCCAGATCAAGATCCAGATCACCAGAGTCTGTTACAGGGG
GTGGCGTTGCACCTAGTGAAGTGGGAGCGTCACTTCGATCAGTTAGTAGACACAGTAGTG
GAAGACTTGCGCAACTATTGGATGCAGCTAAAGACCCCCCAGTAATATTGCTGCGCGGCG
GTGCAAATACATTAAAATGCTATCGCTATAGGTTTGTAGAAAAAGCATGCTGGTAAATTTT
ATTATGTTAGCACACGTTGGTCATGGATTGGGGGTCATTCTACTGATAGAGTAGGGCGTG
CAAGGATGTTAATAGCATTTTCATTCTAATCATGAAAGGGAAAAATGTATTCAAGAAATGA
AGTTACCTTTTAGGAGTAGATTGGTCCCTATGGACAATTTGATGATTTATAACCTGCTTTTT
ATTTAAACACACTAACATTGCCTATTGCTATTTTTTTTACTAACTTATATTGCTATATTGCT
ACTAACATTATGGTACGGGCGCAAAGAACTAAGCGAGCGTCTGTTACTGATATATACAAA
GGCTGTAAAGCCTCTGGGACTTGTCCCCCTGATGTACTAAATAAAGTGGAACAAAATACA
CTTGCTGATAAAATACTTAAATATGGCAGTGTGGTGTGTTTTTTGGTGGACTTGGAATT
GGTACAGGTAAGGGTACCGGTGGTGCCACGGGGTACGTCCCATTGCGACCTGGAGTACGA
GTGGGCGGTACTCCTACAGTGGTCCGCCCTGCAGTCATACCTGAAATAATTGGACCAACT
GAATTAATACCAGTTGACTCAATAGCACCAATTGACCCCGAAGCACCATCAATAGTCTCA
TTAACAGACAGTGGCGCAGCTGCTGACCTTTTCCCCAGTGAAGCAGAACTATTGCAGAG
GTACATCCTACACCTGTAGACATAGGAATTGATACACCTATTGTAGCTGGAGGCCGTGAC
GCCATTTTAGAGGTGGTAGTACTAATCCTCCAACAAGGTTTCAGTGTAACAAGAACACAA
TATGATAATCCATCTTTTTCAAATAATTTTCAAGATCCACACCTATCACAGGTGAGGCATCC
CTTGCTGATCATGTATTTGTGTTTGAAGGTTCTGGAGGTGAGCACGTAGGAGCGGTAAGT
GAAGAGATTGAATTAGATACATATCCTTCCAGATATTCCTTTGAAATTGAGGAAGCTACA
CCACCACGCAGAACTAGTACTCCCATTGAAAGAATAAGTCAGGAATTCAGGAACCTACGT
AGAGCACTGTATAACAGGCGCTTAACAGAACAGGTTCAAGTAAAAAACCTTTATTTTTTA
ACTACTCCATCTAAACTTGTAAGATTTCAATTTGATAATCCTGTGTTTGATGAAGAGGTC
ACACAAATATTTGAAAGAGATGTTGCTGAAGTGAGGAACCTCCAGATAGGGACTTTTTTA
GATATAGACAGATTAGGAAGACCATTATTAACAGAATCCACTGAAGGCCGTATTAGATTA
AGTAGGTTAGGTCAAAGGGCTTCCATTCAAACACGCAGTGGAACACGTGTTGGTTCACGT
GTACACTTCTATACAGATTTAAGCACTATTAATACAGAAGAACCTATAGAATTAGAATTA
TTAGGCGAGCATTCTGGAGATGCATCAGTTATTGAGGAACCTCTGCAAAGCACTGTAATA
GATATGAACTTAGATGATGTTGAGGCTATTCAGGATACTATAGATACTGCAGATGATTAT
AACTCTGCAGATCTTTTTATTGGACAATGCAATTGAAGAATTTAATAATTCTCAATTAGTG
TTTGGCACTTCTGATAGATCTTCGTCTGCATATTCTATACCACGGTTTGAATCCCCTAGA
GAAACAATTGTATATGTTCAAGATATAGAAGGTAATCAGGTAATTTATCCTGGGCCACA
GAAAGGCCAACTATAATATTTCCCTTACCTAGTGCCCCCTGCTGTAGTCATACACACATTG
GACAAGTCTTTTGATTATTACTTACATCCCAGCTTAAGAAAGAAAAGGCGCAAACGCAA
TATTTATAATGTTTTTCAGATGACCCTCTGGCTTCCAGCTTCTGGTAAGATATATTTACC
TCCTACGCCACCTGTAGCCCCGAGTGCAGAGTACGGATGAATATGTGGAAAGAACTGACAT
CTATTACCATGCAACTAGTGATCGATTACTAAGTGTAGGCCACCCATATTTTGATGTTAG
ATCACCGGATGGTAGTAAATAGATGTACCAAAGGTTTCAGGGAATCAATTCAGGGCCTT
TAGAGTTACATTTCCAGACCCTAATAAGTTTGCATTAGCAGACATGACTATCTATGATCC
TGATAAATACAGGTTGGTGTGGGCCTGCGCAGGACTTGAAATCGGCCGCGGCCAACCTTT
AGGGGTGCGCAGTACAGGACACCCGCTATTTAATAAGCTCCGTGATGCAGAAAATTCTAG
TGAACGTCAGGAAGGTACTGTAGATGACAGAAGAAATATCTCATTTGATCCTAAGCAAGT
ACAGATGTTTATAATTGGTTGCACACCGTGCTTAGGTGAATATTGGGATACAGCTCCTGT
CTGTAAAGATGCAGGTAGCCAACTAGGGTGTGTCTCCTTTAGAATTAAAAACAGTGT
TATAGAAGATGGGGACATGTTTCGACATTGGCTTTGGTAATATCAATAATAAACATTATC
CTTTAATAGATCAGATGTTAGTTTAGATCTTGTAATGAGGTTTGCAAATATCCAGACTT
TTTGACTATGTCAAATGATGTATATGGAGATGCCCTGTTTTTTTTGTGCCCGAAGAGAGCA
ATGCTATGCCAGGCACTATTTTTGTTCGAGGCGGTGTAGTAGGAGATGCAATACCTGATGG
TGCAGTTCAACAGGATCAAAATATTATTTACCTGCAGACCAACAAAACACTTTAGAAAA
CTCACTTTATTTTCCTACTGTCAAGTGGATCTTTGGTAACCTCTGATTCTCAACTTTTTTA
TAGACCATTTTGGTTAAAACGTGCTCAAGGCCATAACAATGGTATTTTATGGAACAACCA
GATGTTTGTGACTGTAGCAGATAATACACGTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAA
TGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAGAGAGTTTACAAGACATGTTGA

AGAATACCAACTTTCTTTTATACTACAGTTGTGCAGGATACCTTTAAAGGCCGAGGTCTT
AACACAAATTAATGCCATGAATTCAGATATTTTAGAGAATTGGCAGTTAGGGTTTGTTC
TACACCAGATAATGCAGTTCATGACACATACAGATATTTGGCTTCAAAGGCCACAAAATG
TCCAGATGCAGTACCTGACACGCAAAAAGAGGATCCTTTTGGAAAGTATTCATTTTGGAA
TGTTGATATGACAGAAAAATTGTCTCTAGACCCTAGATCAATATCCCTTAGGCCGTAAGTT
TCTGTTTTCAAATTGGAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAACTCGAAA
AGTGACCAAAACTGTCAAAAGGAAAAAGTGCAATTGTAACCGATATCGGTCGCCAATAA
AATATGTTAACTAATCTGGTATGTGAAGTATTTTTTAACCGTCTTTGTGACTAAACCGAA
CAAGTCAACACCAGCAACCGCACCCGTTTCCACATTATAAATTCCTCGAGGTAAGATTAT
GATC

>gi|1020178|gb|U31780.1|HPU31780_HumanPapillomavirus_type_22,_complete_genome

CCGCCAAAGCTTTGCCAGGTCTTGGCAGAACATTTGCTGGCAAAGACTGCACCGATAACG
GTAAGAACTTTTAATTTTAAACCGTAGGCGGTATTTGTTATTCGTAGCAACAATTGTGG
TTAACAACAATCTCCTGCCAGAATATACATGCAACCGCTTGTGGTAATTTATGCACTGCT
TGCATATTATTTAAGTAGGATGGGCTGCTATTCTGTATTTCATGGCTTTGCAAAGACCACT
GACAGTACAGCAACTTAGTGATAAGTTGACTGTACCTGTAGTAGATCTTTTGCTACCTTG
TAGATTCTGCAGTAGGTTTTTAACCTATTTGGAATTGCGGCAATTTGATTATAAGAATTT
GCAATTAATTTGGACAGACGAGGACTTTGTGTTTGCATGTTGCAGCGGCTGTGCCTACGC
TTCAGCCCAATTTGAATTTTTCAGCAGTATTATCAAGTTTACTTTGTATGGTCGTGAAATTGA
GCAAGAAGAACAACGACCTGTAGGCCAAATTTATATGAGATGTCAATATTGCTTGAAGTC
TCTTGATTTGCTAGAAAAGTTAGATATCTGCTGTTCCAATCAACCATTTCACAAGGTTAG
AGATCATTGGAAGGGAAGGTGCAGGCACTGTAAAGCAATAGAATGATTGGGAAACAAGCT
ACTCTGTGTGATATAGTTCTTGAAGAGCTTGTCTGCCCATTGACCTGCATTGCCACGAG
GAGCTGCCTGAACTTCCAGAAGAGTTAGAAGAATCAGTGGTAGAGGAGGAGCCTGAGTAC
ACTCCTTACAAGATTGTAGTATATTGTGGGGGTTGTGATACAAAGCTGAAGCTGTATATA
CTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTACTTGGACCTGTAAAACCTT
TTGTGTCCCACCTGTGCGAGAAGAGATTTCGCAATGGACGACGATAAAGGTACTGACACAAC
TGATGCTAAAGAAGGATGTAGTGGTTGGTTTATGTTAGAAGCTGCGTGCTCAGATGATAG
TGACTTAGATAATAGTTTGGAAAAGTTATTTGAAGATGGTACAGAGTCAGATGTATCTGA
TTTAATAAATGATGATGATACTGCTGCTCAGGGAAATTCCCGCGAATTGCTATGTCAACA
GCAAAGTGAGGAATGTGAGCAGCAGATTCAATATCTAAAACGAAAGTATTTTCAGTCCAAA
GGCTGTTTCAGCAGCTAAGTCCACGTCTGCAGTCTATGAATATTTTCGCCTGGGCATAAATC
TAAAAGGAGATTATTTGTGGAGCACGACAGCGGACTGGAGTGTTCCCTAAATGAAGCTGA
AGATCTTACTGAAGAGGTGGAGGTACCGGCGAGCGCTCCAGCGCCGGCAGCACAGGGTGG
TGTAGGGTTCGGGACATTACACCAGTTTGTAAAGATGCAACAATGTAAAGGCAGTATTGCT
GGGAAAATTTAAAGACGCATTTGGAGTGAGCTATAATGAGCTGACTAGACAATTTAGAAG
TAATAAGACTTGCTGTAAGCATTGGGTATTGGCCATATATGCTGCTAAAGATGAATTAAT
AGATGCGTCCAAACAATTGTTACAACAGCATTGTACCTATTTGTGGTTGCAAACATTCTC
ACCCATGTCAATTATATTTATGTTGTTTAAATGTTGGGAAAAGTAGAGAACTGTGATGCG
ATTGTTATCTTCCATGTTACAAGTTAATGAGAATCATATTTTATCAGAACCTCCAAAAAT
CAGAAGTATGATAGCTGCTTTATTTTGGTATAAAGGTAGTATGAATCCAAATGTCTATGC
ATTTGGAGAGTATCCTGAGTGGATTATGACACAGACTATGATACATCACCAAACTGCTGA
CAGTGTACAATTTGACCTGTCTGAAATGATACAATGGGCTTATGATCAAGATTATGTTGA
TGAATGTACTATTGCATACCAGTATGCTAGATTGGCTGATAGTAATAGTAATGCCAGAGC
ATTTTTAGCTCATAATAGTCAAGCCAAATATGTTAGAGAATGTGCTCAAATGGTTAGATA
TTATAAACGTGGAGAAATGCGAGATATGTCAATTTCTGCATGGATACATCATTGTATATC
AAAGATAGAAGGCGATGGTCACTGGCAAGATATTGTTAAATTTTTCGATACCAAGGGTT
AAATTTTATAGTGTTTTTGTAGATAAATTTAGAACATTTCTAAAAAATTTTCCAAAGAAAA
TTGTTTGTTAATATGTGGTCTCCGGATACAGGAAAATCTATGTTTTCATGTCATTAAAT
GAAAGCATTAAGAGGACAGGTAGTTTCATTATGCAAATTTCTAAAAGTCATTTTGGCTACA
GCCTTTAGCAGATGCAAACTGGCTTTATTAGATGATGCTACAGAAGTTTGCTGGCAATA
TATTGATGCTTTCTTAAAGAAATGGATTAGATGGTAACATGGTATCTTTAGATATGAAACA
TAGAGCTCCATGTCAAATGAAATTTCCACCTCTTATTATAACATCTAACATTAGTTTAAA
AAAAGAAAAAAATTTCCCTATTTACATAGTAGAATATATGAATTTGAGTTTCCTAACAA
ATTTCCCTTTGACGCAATGATACACCTCTGTTTAAACTTACTGACCAAAGCTGGGCGTC

TTTTTTTTAAAAGGCTTTGGACACAATTAGAACTGAGTGATCAAGAAGAAGAGGGAGAAAA
TGGAGAAACTCAGCGAACGTTTTAGTGCACCTACAAGAGAAGTTAATGGACTTATATGAAT
CAGGTGTAGAGGATCTTGAACCCCAAATTCAACATTGGAAATTATTAAGACAAGAACAAG
TGTTATTTTATTATGCAAGGAGACATGGGATATTGCGTTTGGGGTACCAACCAGTACCCA
CTCTGGCAACTTCAGAGAGTAAAGCAAAAGATGCTATAGCCATGGGACTATTGCTGGAAA
GCTTACAAAAATCACAATATGCAGAGGAACCGTGGACCTTAGTAGAACTAGTTTGGAGA
CAGTTAAAAGCCCTCCAGCAGACTGTTTTAAAAAAGGACCTAAATCTGTGGAAGTGTACT
TTGATGGAGATCCTGAAAATGTAATGTCTTATACAGTGTGGTCATACATTTATTATCAGA
CTGATGATGAGTCATGGGAAAAGGTGGAAGGTCATGTGGACTATACAGGAGCTTACTATA
TAGAAGGGACCTTTAAAACCTATTATATTAAATTTGAAACAGATGCTAAACGATATGGTA
CAACAGGACATTGGGAGGTGCATGTTAATAAAGATACTGTGTTTACCCCTGTTACCAGTT
CTACGCCGCCAGTTGGAGTGCCTCCCAGAACTCCGCACCCGAACCGGCATCCACCTCCG
ACTCCCCACAACGGTCATCACAAGTCACCCACCGATACGGCCGAAAAGCATCTAGTCCTA
CAATCACCACCATCAGGAGGCAAAAAAGGCGAGAGAGACAAAGACAAGAAACCCCAACAA
GGCGAAGAAAAACCAGATCAAGGTCCCGAAGCACCAGCAGCGGGAGGGAGGGCCACCA
GACGATCCCTCTCCAGAGAATCCGCAGAATCCCCAGGCGGGGAGGGAGAGGTGGAGGGG
GCCCCCTCACCAGGTCCCGCTCAAGGTGCGGATCCCGTACACGAGAGTCTGTTGACGGGG
GTGGCGTCGCGCCTGACGAAGTGGGAGCAACACTTCGATCAATTGGTAGACAGCATAGTG
GGCAATTGCGCAATTACTGGACGCAGCTAAAGACCCCCCAGTAATTCTGCTACGCGGTG
CAGCAAAATACATAAAATGCTATCGCTATAGATTTAGAAAGAAACATGCTGGAAGCTTCC
AATTTATTAGTACAACGTGGTCCTGGGTAGGGGGGCATACAACCGATAGAATCGGGCGCT
CTAGGATACTAATATCATTTTCATACAGATAGGGAAAGAGAGAAGTGCTTGCAACAAATGA
AACTTCCTTTAGGTGTAGAATGGTCATATGGCCAGTTTGATGATTTATAAACTGCTTTTT
TACTAACACACTAACATTGCCTATTTATACTAACCTATTTGCTTGCTACTAACAAAATGG
CGCGAGCGCGAAGAACAAGCGAGCGTCAGTAACTGACATTTATAAAGGCTGTAAGGCCT
CTGGGACTTGTCCTCCCTGATGTTATTAATAAAGTGGAACAAAATACACTTGCTGATAAAA
TTTTAAAGTATGGCAGTGTTGGTGTGTTTTTTGGTGGTCTTGGTATAAGTACAGGTAAGG
GTACCGGTGGTCCCTACAGGCTATATTCCCTTAGGTCAAGGTCCTGGAGTGCGTGTGGGCG
CCACTCCCACAGTGGTCCGCCCCGGGGTCATACCTGAAATAATTGGACCAACTGAATTAA
TACCAGTTGACTCAGTAACACCAATTGACCCTGCAGCACCATCCATAGTGACATTAACAG
ACAGTAGTGACGGTGCTGACCTTTTACCTGGTGAAGTTGAACTATTGCAGAAGTACATC
CGGTCCCAATAGACAATGTGGAACCTTGACACACCTTTAGTTTCTGGGGACCGTCACGCCA
TTTTGGAGGTGACTGATGCTAATCCCCCTTTTAGGCGCACGGTTACCCGGACACAATATC
ATAATCCTGCTTTTGAAATTATTTAGAGTCTACACCATTAATAGGTGAATCTACACCCT
CTGACCATGTTTTTGTGTTTTTGAAGGCTCGGGAGGTGTACAGGTAGGGGATGCTAATGAAA
GCATTGAATTGGATACTTTTCTTCTAGATATAGTTTTGACATTGAGGAGCCAACCCCTC
CTCGTAGAGTTAGTACACCAATTGAAAGAATCAGTCAGGAATTTAGAACTTTAAGAAGAG
CCTTATACAACAGAAGATTAACAGAACAGGTCCAAGTAAGAGACCCCTTGTTTTATTCGAT
CCCCGTCCAGGCTTGTGAGATTTCAATTTGATAATCCAGTATTCGATGAGGAAGTTACAC
AAATATTTGAAAGAGATGTAGCTGCAGTAGAAGAACCACCAGACAGGGATTTTTTTAGATA
TTGAAAGACTTGGAAGGCCTATACTAACAGAACTGCAGAAGGCCGTGTTTCGTGTCAGCA
GGTTAGGGCAACGTGCATCGCTGAGCACACGCAGCGGCGCACGTGTAGGTGCTAGAGTGC
ATTTCTTTACAGATATTAGCACTATTAATGCAGAAGAGCCCATTGAATTAGAATTATTAG
GTGAGCATCTGGCGACAGCTCTGTAGTACAAGAACCATTTGAAAGCACAAATATTGGATG
TCAATATTGACAACATACCTGAAAGTTTGGATACAAACATAGCAGAAACATCTGTAGACT
ATGATTCTGCTGATTTGTTATTAGACAACGGTGTGGAGGACTTTAGTAGGTCACAATTGG
TAATAGGTCCCTCAGATAGATCACTTCCATCTATTACTGTTCCACAATTGAATCCCCTA
GAGAAACCATTTGTGTACATACAAGACATAGAGGGTAATACAGTTGTATATCCTAAATATG
AAGAAAGGCCAACATTATTATATTACCTACACCCCTCGGGGCCCTGCTATAATTCAATCACCTA
CACATTTCCCTTTGATATATTATTACATCTTAGCTTGCAGGAAAAAACGCAAACGCA
AATATTTATAATGTTTTTCAGATGACCCCTCTGGCTTCCAACCTTCGGGTAAAGATATATTTG
CCTCCTACGCCACCGGTAGCCCCAGGTACAAAACACGGACGAGTATGTGGAGAGGACTGAC
ATCTATTACCATGCTATAAGTGACCGTTTATTAAGTGTAGGACATCCTTACTTTGATGTT
AGATCATCAGATGGAGCAAAAATAGAGGTCCCTAAAGTGTCTGGAAATCAGTTTAGGGCT
TTTAGAGTAACATTTCCAGATCCTAACAAAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGAT

```
>gi|1020170|gb|U31779.1|HPU31779_Human_papillomavirus_type_21,_complete_genome
```

TGCTGCTGCATTGTTTTGGTATAAGGGTGCGATGGGGTCTGGAGCATTTACTTATGGACC
TTATCCTGATTGGATTGCCAGCAAACAATTGTTGGTCATCAAAGTACAGAAGCCAGTGC
ATTTGATATGTCTGCAATGGTTCAATGGGCGTTTGATAATAACTATTTAGATGAAGCTGA
TATAGCCTATCAATATGCTAAGCTAGCACCAGAAGATAGTAATGCTGTAGCATGGCTTGC
ACATAATAATCAGGCCAGATATGTTAGAGAAGTTGCATCTATGGTAAGATTTTATAAAAA
AGGACAAATGAAAGAAATGTCTATGTCAGAGTGGATACATACTAGAATTAATGAAGTAGA
AGGAGAAGGACATTGGTCAACTATAGCAAAGTTCCTTAGATATCAGCAAGTAAATTTTAT
AATGTTTCTAGCAGCATTAAGACATGCTACATTCAGTTCCTAAACGTAATTGTATATT
GATTTATGGTCCCCCTAACACTGGAAAAGTCAGCATTTACTATGTCTTTAATTCATGTACT
AAGAGGGAGGGTGCTATCATTTTGTGAATTCCAAAAGCCAGTTTTGGCTGCAGCCAATGTC
AGAATGTAAAAATAGCATTAATTGATGATGTGACAGATCCATGCTGGATATATATGGATAC
TTATTTAAGAAATGGCCTAGATGGTCATGTTGTATCATTAGACTGCAAAACATAAAGCACC
GATGCAAACCAAATTCCTGCATTACTACTTACATCTAATATCAATGTGCATAATGAAGT
TAATTATAGATATTTGCATAGCAGGATTAAAGGCTTTGAATTCCCAAATCCATTTCCCAT
GAAAGCAGACAATACCCCTGAATTTGAGCTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTTAC
AAGGCTTTGGAATCAATTAGAGCTGAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGAAAAATGGAGAATC
TCAGCGATCGTTTCAATGTTCTGCAAGATCAGCTAATGAACATTTATGAGTCTGCAGCAA
ACACTATTGAGTCGCAAATTTGAGCATTGGCAAACACTGCGAAAAGAAGCTGTGCTGCTTT
ATTTTGCTAGGCAAAGGGTGTGACACGGCTTGGATATCAATATGTACCTCCATTAGCAG
TTTCAGATCAAGAGCTAAACAGGCTATAGGGATGATGCTGCAGTTGCAATCATTGCAAA
AATCTGAATATGCAAAGGAACCATGGTCACTGGTAGATACCAGTGCAGAGACATTTAGAA
GCCCTCCTGAAAATCATTTCAAAAAAGGGCCAGTGTCAAGTTGAGGTTATTTATGATAACG
ATAAAGACAATGCTAATGCTTACACCATGTGGAGATATGTTTATTACGTGGATGATGACG
ACCAATGGCATAAAAAGTCCAAGCGGTGTCAACCACACAGGCATATATTTTATGCAAGGAA
CTTTTAGACACTACTATGTTTTATTTGCTGATGATGCAAGTAGATATAGCAGAACTGGAC
ATTGGGAAGTTAACGTTAATAAGGAAACTGTGTTTGCTCCTGTCACCAGCTCCACCCAC
CCGACTCACCAGGAGGACAAGCAGACTCAAACACCTCCTCCACGACCCCCGCCACCACCA
CTGACTCCACGTCCAGACTCTCGTCCACCAGAAAACAGTCACAACAAACCAACACCAAAG
GAAGAAGGTACGGACGGAGACCGTCCAGTAGGACCCGGCGAACGACCCAAACGCATCAAA
GGCGGCGATCGAGGTCCAAGTCCAGGTGCGGGTTCGCGGTTCGCGGTCCGATCCC
GATCCCGGTCCCGATCCCGGTCTTATTCCTCCCGTCCCGTCTCAATCGTCTGACCAGCCGC
AATACCGATTGAGATCCGGAGGGCAAGTGTCCCTCATCACTACCGCCACCACCACCACCA
CCACCGCAACCAACTACTCCACCAGAGGGTCAGGGCGAGGGTCATCCTCCACCTCCTCCT
CCACCTCCAAACGGCCACGACGGCCACGAGGAGGGGCCATTGGAGGGAGCAGTGGGAGGG
GGAGACGGTCACTCTCCACCTCCCCCAGCCCCCTCCAAACGGTCACGAGGAAAGTCAGAGT
CTGTTAGGCAACGTGGCATCTCTCCTGACGACGTGGGAAAGTCTCTTCAATCAGTTAGTA
CAAGAAATACAGGTGACTTGGAAGATTACTGGACGAAGCTCTCGATCCCCCAGTAATCT
TAGTCAGGGGGGAACCCAATACGCTAAAAATGCTTTCGCAATAGAGCCAAGCTTAAATACG
CAGGGTTGTATAAGGCTTTCAGTACGGCCTGGTCGTGGGTGGCTGGAGATGGTACTGAGC
GTCTAGGCAGGTCCAGAATGCTCATTAGCTTCTTCTCCTTTGAGCAAAAGAAAAGATTTTG
ATAAGACTGTTAAATATCCGAAAGGTGTTGACCGGTTCGTATGGTTCTTTGATAGCCTAT
AGCAGCCTTTAACATACTAATACTATAGCTCTGCTACTAACATATTAACACTTTTTGATTAT
ATATTTTTTTTTTATTTTTATTTTTATGCTATGGCGCGTGCTAAGCGAGTCAAGCGAGAC
TCTGCTACTAATATTTACAGAACCTGCAACAAGCAGGCACATGTCCCCCTGATGTTATT
AATAAAGTTGAAAGCACAACCTATTGCTGATAAAATATTGCAGTATGGTAGTGCTGGTGT
TTTTTCGGGGGGCTGGGCATAAGCACTGGAAAAGGTACAGGCGGTACCACAGGTTATGTG
CCTTTGGGAGAAGGTCTGCACTCCGTGTTGGCAATGCTCCTACGGTCATTAGACCTGCA
TTGGTCCCTGACACCATTTGGCCCGTCTGATATTATTCCTGTGGACACCTTAAATCCAGTG
GAGCCACAACCTTCCTCTATTGTTCCACTCACAGACTCTACAGGCCAGATCTGTTACCT
GGAGAAGTGGAACCTATTGTCAGAAATACATCCTGGTCCGACCAGGCCCTCCACCTGACACT
GCAGTCACTACTAGTACAAATGGTTCTAGTGTGTTTTAGAAGTAGCACCAGAGCCTACC
CCTCCTTCTCGTGTTAGAGTAACCAGAACACAATATCATAATCCATCTTTTCAAGTAATA
ACTGAATCAACTCCTACTACAGGCGAAAAGTTCTTTAGCAGATCATATATTAGTAACATCA
GGGACTGGGGGACAACTATAGGGGCGAGTACACCTGAACTCATAGAACTCCAGGACTTT
CCTTCTAGATATTCATTTGAAATTGAGGAGCCAACACCTCCTAGAAGAACTAGTACACC

ATTCAAAGAATTCAAATATTATAAGGAGAAGGGGTGGCGGGCTCACAAATAGGCGTTTG
GTTCAACAGGTTAATGTAGAGAATCCTTTGTTTGTATCCAGGCCTTCTAGATTAGTGCAG
TTTCAATTTGATAACCCTGCATTTGAAGAAGAAGTGACACAAATATTTGAGCAAGATATT
GATACTTTCAATGAACCACCAGATAGAGACTTTTTAGATATTTAAACACTTGGTAGGCCT
CAATACTCAGAAACCCCTGCAGGTTACGTGAGAGTTAGTCGTCTTGGTAAACGAGGAACT
ATTCGTACTIONTTCAGGAACACAAATTGGTTCCTCAGGTCCATTTTTACAGGGACCTTAGC
ACCATTAACACAGAGGACCCTATTGAACCTCAATTATTGGGTGAGCATCTTGCGGATGCT
ACAATTGTCCAGGGTCCAGTTGAAAGCACATTTATTGATATTAACGTTGATGAAAACCCCT
CTTTCTGAAGATTTTTAGTGCACATTCAGATGATTTACTTCTAGATGAGGCAAATGAAGAT
TTTAGTGGTTCCCAATTAGTGGTTGGAGGCCGCCGCTCCACTTCTTCTTATACTGTTCCA
CGTTTTGAAACTACTAGATCTGGTTCTTATTACGTGCAGGACACCAAGGGCTATTATGTA
GCCTATCCTGAAGATCGAGACACTAGTACAGATATAATCTATCCAACACCAGATTTGCCA
GTTGTAATCATACACACATTTGATACAAGCGGTGATTTTTACTTACATCCGAGTCTTAGC
AGAAAATTTAAGAGAAGAAGGAAATATTTGTAACCTTTTCTTTTGCAGATGGCAGTTTG
CAAGCAGCTAGTGGTAAGGTTTACCTTCCACCGTCTACACCAGTTGCCAGGGTCCAAAGC
ACGGATGAATATGTACAAAGAACAACATCTACTATCATGCATATAGTGATCGCTTATTA
ACTGTTGGTCATCCATATTTAATGTCTATGACGTCAATAGTGCTAAGATAAAAGTACCT
AAAGTATCTGGGAATCAACACAGGGTATTCAGACTCAAATTGCCAGATCCTAATAGATTT
GCATTGACAGATATGTCTGTATACAATCCAGACAAGGAAAGATTAGTTTGGGCCTGCAGA
GGTATTGAGAAATAGGTAAGGGCAACCCCTGGGGGTGGGAAGTGTAAGTACCCCTTTATTT
AATAAAGTTGGGGACACAGAAAATCCTAGTTCATACAAAACCTCAACCAAATCTACTGAT
GATAGACAAAATGTATCATTTGATCCCAAACACTACAAATGTTTATAATAGGCTGTGCA
CCTTGCTTAGGAGAACATTGGGATAAAGCTATCCCATGTGCAACTGACAATCCACCTCCA
GGATCGTGCCCTCCGATTGAATTAATTAATTCAGCAATACAAGATGGCGATATGGCAGAT
ATAGGATATGGCAATCTAAATTTCAAAGCCTTACAACAAAATAGGTCTGATGTTAGTTTA
GACATAGTTAATGAAACGTGTAAGTATCCAGACTTCTTAAAAATGCAAAATGATGTGTAT
GGAGATTGATGTTTCTTTTATGCACGCAGAGAGCAATGTTATGCCAGACACTTCTTTGTT
AGAGGGGGCAAACAGGAGATGACATACCCGCAGGACAAATTGATGAGGGTAGTATGAAG
AATGCATATTACATTCACCAATGAATGATCAAGCACAGTACAAGATTGGTAACCTCATG
TATTTCCCAACTGTCAGTGGCTCATTGGTGTCTAGTGACGCTCAATTGTTTAACAGGCCA
TTTTGGCTACAGCGTGACAAAGGCCATAATAATGGCATATGTTGGTTAATCAATTATTT
GTTACAGTAGTAGACAACACTCGTAACACAACTTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAAT
GCAGACGTGTCTAAAATTGAAAATTATAAAGCCGAGAGCTTTCAAGAATATTTAAGACAC
GTTGAAGAATATGAACCTTTCTTTAATTTTACAATTATGTAAAGTTCCTTTAACAGCAGAA
GTCTTAGCTCAAATTAATGCAATGAATGCAAAATATTTTAGAAGAATGGCAGTTAGGATTT
GTTCTGCCCCAGACAATCCTATTGATGATACATATAGATACATTGACTCTGCAGCTACT
AGATGTCTTGATAAAAACCTCCAAAAGAACGAGAAGATCCTTATAAAAAATATGAAATTT
TGGGATGTAGATTTAACAGAACGGTTGTCTCTAGACTTAGATCAATATTCTCTTGGAAGA
AAATTTTTTATTTCAAGCAGGTTTGCAGCAGACGACCGTTAACGGTACAAAGACACTTTCT
TCAAGGGTATCTACCAGAGGAATTAACGAAAACGCAAAATTAGACATGACCGTTTTCG
GTACAATAAAGTCACTTTTACACAGTATTCAGGAATGTTTATTTACTCTGACTAAGCA
AAATACCAACCGCGCCCGACACATAAAGGTGAGTTGTGAGCCAAATGAGGTGAGTTGTAA
GCCAAAAGAGGTCAGAGCCAAGTCTGTTCTGAGCCAGATCAGATACTACGCGCGCCAGAG
TTGGATCACATCTCGTTGTTCTAACACGCTAAGGACTCAAGGAAATGTAAGTCTGCCAAT
CGATTTTGGCTCGTGTTTTGGCAGAAGTTAGGACCGTTA

>gi|1020162|gb|U31778.1|HPU31778_HumanPapillomavirus_type_20,_complete_genome

TCGGGCGCGGTCATACATTACTCATTTGGTAGTTGTTGTTGCCAGCTACCATCAAGCATA
GCATGTTTTTGCCGTGAACGTTATCGGCACAGTGATTAATATATATATATATATATATAT
ATATATATATATATATATATATATATATATAGATACATATAGACAGATATCATAGAGCTA
ATGCAGAGAGTGACAGGCATAGGCTACACCTCCTTCTTCAAGAAGACAGCGCTGATGAAGG
ACCATCTAATATTGGAGAGGCCAAAACCTCCAATCTTAGAGCCACCATTGCCTGCAACAAT
CTGTGGCCTAGCAAAACCTTTTAGAAAATACCGCTAGATGATTGTTTGATACCTTGTAACCTT
CTGCGGTAATTTCTTTACACATTTAGAAAGTTTGTGAGTTTGATGAGAAAGAGCTTACTTT
AATTTGGAAAGATCATTTGGTTTTTGCATGCTGTGCTGTTTGCTGCTCGGCAACAGCGAC
ATATGAGTTTAATCAATTTTATGAGAGTACTGTTTTAGGCAGAGACATAGAGCAAGTAAC

AGGCCAAATCTGTTTTTGTATATAGATGTCAGGTGCTACACCTGTATGAAATTTTTAGACTC
AATTGAAAAGCTAGACATCTGTGGCAGAAAGCGTCCATTTTATTTAGTGAGAGGCTCTTG
GAAAGGAATCTGTAGGCTGTGTAAGCATTTCATAAATGATTGGTAAAGAGGTCACATTG
CAAGATATTGTGCTGGAGTTAAATGAATTGCAGCCTGAGGTTCAACCAGTTGACCTGTTT
TGTGAAGAGGAGTTACCGAACGAGCAGCAGGAGAGAGAGGAGGAGCCTCAGATTGAAAGA
GCCTCATACAAAGTTGTTGCACCTTGCGGCTGCTGCAAGGTGAAACTTCGCATCTTTATA
AGCGCTACAGAATTTGCTATTAGAAGCTTTCAACAATTGCTGATTGACGAGCTGCAGCTG
TTGTGTCTTACTGCTGTCGCGGGAACCTGCAACATGGCGGATCCTAAAGGTAGTACATCTAA
AGACGGGTTGGATGATTGGTGTATTGTTGAAGCTGAATGTAGCGATGTAGACAATGATTT
GGAAGAATTATTTGACAGAGATACAGACTCAGATATTTCAGAATTATTAGATGATAATGA
CCTCGAGCAGGGCAATTCTCGGGAACATTTTCATCAACAAGAGTGTAAAGGACAGCGAGGA
GCAATTACAAAAACTAAAACGAAAGTACATAAGTCCAAAAGCTATTGCACAGCTTAGTCC
GCGACTTGAAAATATTTCACTGTCAACCACAGCAGAAGTCAAAACGAAGGCTTTTTGCAGA
GCAGGACAGCGGGCTCGAGTTAACTCTTACAAATGAAGCTGAAGATGTTCTTCTGAGGT
GGAGGAGGTACCGGCCCTAGACTCTCAGCCGTTGCTGAGGGACACTTAGGAACAGTAGA
CATTCAATTATACAGAATTATTGCGTGCCAGTAACCATAAGGCAATTTTGTGGCAAAATT
TAAGGAGGCTTTTGGGATAGGGTTAATGATTTGACACGTCAATTTAAAAGTTACAAAAC
CTGCTGTAATGATTGGGTTCTATCTGTGTATGCAGTTCATGAGGATCTTCTTGAAAGCTC
AAAGCAGTTATTGCAACAGCATTTGTGATTATATATGGATCCGTGGGATAGCAGCAATGTC
ATTGTTTCTATTGTGTTTTAAAGCAGGAAAAAATCGTGGGACTGTGCATAAATTAATGAC
ATCAATGTTTGAATGTGCATGAAAAGCAAATATTGTCTGAGCCTCCAAAATTAAGAAATGT
TGCTGCTGCTTTATTTTGGTATAAAGGTGCAATGGGGTCCGGAGCATTTCATGCTCC
ATATCCTAACTGGATGGCACAGCAAACTATTGTTGGTCATCAGAGCACAGAAGCCAGTGC
TTTTGACTTGTCTGAAATGATTGAGTGGGCATTTGACCATAATTATCTAGATGAGGCTGA
TATAGCCTTTTCAAGTATGCTAAGCTAGCACCAGAAAATAGTAATGCTGTAGCATGGCTTGC
ACATAATAACCAAGCAAGGTTTGTAGAGAATGTGCATCAATGGTCAGGTTTTATAAAAA
AGGTCAAATGAAAGAAATGAGCATGTGCAATGGATTTATGCCAGAATTAATGAAGTAGA
AGGCGAAGGACATTGGTCATCTATTGCTAAATTTCTTAGATATCAGCAAGTAAATGTTAT
AATGTTTTTAGCTGCTTTGAAAGATATGCTGCATTCTGTACCTAAACATAACTGTATATT
AATACATGGCCACCTAATACTGGAAAATCTGCATTCACTATGTCAATGATACATGTGTT
AAAGGGAAGGGTATTGTCCTTTGTAAATTTCTAAAAGCCAATTCTGGTTACAACCAATGTC
AGAACTAAAATAGCATTAAATTGATGACGTAACCTGATCCTTGCTGGGTTTATATGGATAC
ATATTTAAGAAATGGCTTAGATGGACATTATGTCTCACTAGATTGCAAGCATAAAGCACC
AATTCAAACAAAATTTCTGCTTACTGCTTACCTCTAATATTAATGTTTCAATGAAGT
TAAGTATAGATATTTACATAGTAGAATTAAAGGATTTGAATTTCCAAATCCATTTCCAAT
GAAACCAGACAATACCCCTGAGTTTGAGCTTACTGACCAAGCTGGAAATCTTTTTTTTAC
AAGGCTTTTGAAGCAATTAGAGCTGAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGAAAATGGAGAATC
TCAGCAAGCGTTTCAATGCTCTGCAAGATCAGCTAATGAACATTTATGAGTCTGCACCAG
ACACTCTTGAGTCGCAATTGAGCACTGGCAAACCTGCGAAAAGAAGCTGTGCTACTAT
ATTTTGCTAGGCAACATGGTATCAGCAGGGTTGGATATCAACCTGTGCCTGTATTAGCTG
TGTCAGAAAGCCAAAGCTAAACAGGCTATAGGAATGGTATTAAGGTTACAATCATTGCAA
AATCTGAATATGGAAGTGAACCATGGTCTTTGGTAGATGCAAGTGCAGAGACATTTAGAA
GCCCCGCCAGAAAATCACTTTAAAAAAGGTCCGATTTCAAGTAGAGGTCATATATGACAAAG
ATAAAGACAATGCCAATGCTTATACCATGTGGAGATTTGTTTATTACCAAGATGATGACG
ACAAGTGGCACAAAAGTGTAGTGGTGTAAACCAAACAGGCATATATTTTATGCAAGGAA
CATTTAGACACTACTATGTTTTGTTTGTGCTGATGATGCGAGTAGATATAGTACAACCTGGAC
AATGGGAAGTGAAAGTTAATAAGGAACTGTGTTTGCTCCTGTCAACAGCTCCACCCCCC
CCGACTCACCAGGAGGACAAGCAGACTCAAACGCCCTCCTCCCAGACCCCCGCCACCACCA
CTGACTCCACGACCAGACAGCTCGCCAGAAAACAGTCACAACAAACCAACCAAGGGA
GAAGGTACGAGGAGAGACTTCCAGTAGGACAAGGCGAACAACCCAAACGCCAGAGGC
GACGGTCCAGGTCAAAGTCCAAGTCCAAGTCCAGGTGCGGGTCCAGGTGCGGCACCGGT
CTCGGTCTCGGTCTCGGTCTGAATCGCCGCGCGGGTCTCGGTACCGATCACGATCCG
GATCCAGAGGGAGAGTCGCCCTCCGCGCCATTACCACCACCACCACAACCACCACCAGAC
GGGCAGGTGGAGGGTCACCCACCTCCACCTCCTCCACCACCTCACAACGGTCCGCGACAGC
TGCGGGGAGGGGGCCGTGGGGGGAGCAGACAAAGAGCAAGGGGAAGGCGATCATCATCCA

CCTCCCCACCCCCTCAAAACGGTCACGAGGGGAGTCAGAGTCTGTTAGGCAACATGGCA
TCTCTCCTTCTGACGTGGGAACAGCAGTTTACACAGTTAGTTCAAGACATACAGGAAGAC
TTGGAAGATTACTGGATGAAGCTCTCGATCCCCCAGTGATTTTAGTTAGGGGAGAGCCTA
ATACGCTTAAGTGCTTTTCGCAATAGGGCCAAACAAAGATATACAGGGCTGTATAAGTCTT
TTAGCACGGCCTGGTTCGTGGGTGGCTGGAGATGGCACGGAGCGTCTAGGCAGGTCCAGAA
TGCTCATTAGCTTTTATATCCTTCAGTCAAAGAAAAGATTTTGATGAGACTGTGAAATATC
CGAAGGGGGTTGACCGGTCGTTTGGTTCATTTGACAGCTTATAGCAACCTAACCTTCTAA
CCACTGCATGCTACTAACACACTAACATTTTTTTAATTTTTTATTAATATTTTTTATTTGCT
ATGGCGCGCGCTAAGCGAGTCAAGCGGGACTCTGCTACTAACATATACAGAACCTGCAAA
CAAGCAGGTACTTGTCTCCTGATGTTATAAATAAAGTGGAAGCACAACTATTGCTGAT
AAAATTTTGCAGTATGGTAGTGCTGGTGTTTTTTTTTGGGGGATTAGGCATAAGCACTGGA
AAAGGTACAGGAGGAACACAGGTTATGTGCCTTTGGGAGAAGGCCCATCGGTGCGTGTT
GGTGGTACACCTACAGTCATACGACCTGCTTTGGTCCCAGACACCATCGGCCCTCCGAT
ATTATACCTGTGGACACCTTAAATCCGGTGGAGCCTTCTACCTCTTCTATTGTTCCACTT
ACAGAATCCACAGGACCAGATCTTTTACCTGGTGAAGTGGAACCTATTGCAGAAATACAT
CCAGGCCCCCTCAAGGCCACCAACTGATACACCAGTTACATCTACTACCAGTGTTCTAGT
GCAGTTCTAGAGGTAGCACCAGAACCAACACCTCCAGCTCGTGTGAGAGTCAGCCGCACC
CAGTATCATAACCCATCATTTCAAATAATACTGAATCAACACCAACATTGGGGGAAAGC
TCATTAGCGGATCATATAGTAGTGACATCTGGTTCCTGGGGGCCAAGCAATTGGGGGGATG
ACACCTGCAACTTATAGAGCTTCAGGATTTCCCATCAAGGTATTCATTTGAAATAGAAGAG
CCAACCCCTCCTAGAAGAACTAGCACACCTATGCAAAGACTTCAAAATGTGTTCAGGCGT
AGAGGAGGCCTTACTAACAGAAGATTAGTTCAACAAGTGCCTGTAGACAATCCATTATTT
TTGACACAACCTTCTAGATTGGTCCGGTTTTCAGTTTTGATAACCCGGTTTTTTGAGGAAGAA
GTTACTCAAAATATTTGAACAAGATTTAGACACTTTTAAATGAGCCCCCAGACAGAGACTTT
TTGGATGTTTACAGAGTTTAGGCAGGCCTCAATACTCAGAAACTCCTGCAGGTTATGTGCGG
GTCAGCCGTGCAGGTCAACGAAGGACTATCAGAACTCGTTCTGGAGCACAAATAGGGTCT
CAAGTGCACCTTTTATAGAGATCTCAGTAGTATTGATACAGAAGATCCTATTGAACTGCAG
TTGTTGGGTCAGCATCTGGCGATGCAACTATTGTCCAAGGTCCAGTAGAAAGCACTTTT
GTTGATATCAATGTAGATGAAAACCCACTTTCAGAAATCAGTGCATATTCTGATGATTTA
CTTTTAGATGAAGCTAATGAAGACTTTAGTGGCTCTCAGTTAGTTGTAGGGGGAAGGCGT
TCTACATCTACATACACTGTTTCTCACTTTGAACTACTAGATCTAGCTCTTACTATGTA
CAAGATACAAAGGGGTATTATGTAGCATATCCTGAAGATAGAGATGTTAGTAAGGACATT
ATTTATCCTAATCCAGATTTACCAGTGGTCATTATTACACATATGACACAAGTGGAGAT
TTTTATTTACATCCAAGTCTTACTAAAAGATTAAAAAGAAAAAGGAAATATTTGTAACCTT
TTTCTTTTGCAGATGGCAGTTTTGGCAAGCAGCTAGTGGTAAGGTGTACCTTCCACCATCT
ACACCAGTTGCCAGGTCCAAAGTACGGATGAATATGTGCAAAGGACTAACATATACATAT
CATGCATACAGTGATCGCCTACTAACTGTTGGTCATCCATATTTTAAATATATATGACATC
CAAGGCACCTAAGATAAAAGTCCCTAAGGTTTCTGGAAATCAGCACAGAGTGTTTAGGTTA
AACTACCAGATCCCAACAGATTTGCATTAGCAGATATGTCTGTGTATAACCCAGATAAA
GAAAGATTGGTCTGGGGCTGTAGAGGTATAGAAATAGGTAGAGGACAGCCATTAGGCGTT
GGAAGTGTAGGTCATCCATTATTTAATAAACTTGGTGACACAGAAAACCTAATTCATAT
AAAGGGAATTCAACTGATGATAGACAAAATGTATCTTTTGACCCTAAACAACCTACAAATG
TTTATAATAGGCTGTGCCCCATGTTTAGGAGAACATTGGGACAGGGCTTTACCATGTGCA
GACGACGTTCCAAACCCAGGTTTCATGCCCTCCAATAGAATTAATAAATACAGCAATACAA
GATGGCGATATGGCAGATATAGGATATGGCAACCTAAATTTTAAAGCATTACAAGAAAAC
AGAGCAGATGTAAGTTTGGATATTGTTAATGAGACCTGTAAATATCCAGACTTTTTTAAAA
ATGCAGAATGATGTTTATGGAGATTCTGCTTTTTTTATGCTCGGCGGGAACAATGTTAT
GCTAGACACTTTTTTGTACGTGGGGGCAAAACAGGAGATGATATACCTGCAGGACAAATT
GATGAAGGTAGCATGAAGAATGCATTCTACATTCCACCTGTGAATAATCAGGCACAGAAC
AACCTAGGTAATTCAATGTATTTCCCAACTGTTCAGTGGCTCATTGGTGTCTAGTGATGCT
CAATTGTTTAAATAGGCCATTTTGGCTGCAGCGCGCACAGGGCCACAACAATGGCATCTGC
TGGTTCAATCAACTATTTGTTACTGTAGTAGATAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATA
TCAGTTTCATTTCAGAAAACACTGATGTTTCTAAAATTCAAAATTATGATTCTCAGAAATTT
CAAGAATATTTAAGACACGTAGAAGAATATGAAATTTTATTAATTTTACAGCTCTGTAAA
GTTCTTTTAAACAGCTGAAGTTTTAGCTCAAATTAATGCTATGAATTCAAATATATTAGAG

GAGTGGCAGTTAGGATTCGTTCTGCACCGGATAATCCTATCCACGATACATACAGATAT
ATTAATTCTGCAGCTACTAGATGTCTGATAAAAATCCTCCAAAAGAAAGAGAAGATCCT
TACAAGGATCTAAACTTTTGGGAATGTTGACCTATCAGAAAGATTATCCTTAGAATTGGAT
CAATATTCTTTAGGACGCAAATTCTTATTTCAAGCAGGTTTACAACAAGCGACCGTAAAC
GGTACAAAACTGTATCTTCAAAGTTATCTACTAGGGGCGTCAAACGAAAACGCAAACAA
TAAACCCGACCGTTTTTCGGTACAATAAAGTCAACTTTTACACGGTATTCAAGGAATGTTT
ATTTACTCTGACTAACTAAGATACCAACCGCACCCGACACATAAAGGTGAGTTGTGTGCC
AAATGAGGTGAGTTGTGAGCCAGAAGAGATCACAGCCAAGTCAGGCTTGAGCCAGATCAG
ATACACTGCGTGCCAGAGTTGGCTCAAACTTCATCGTCCCAACACGTTTCGGAACAGGAGG
AAATGTAAGGTGCCAACGCTTTTTGGCTCTTCTTTTTTGGCACAGCAGAAGACCGTTAACG
GTAAGTTTTTATTTGTA

>gi|333211|gb|M73236.1|PPHPAPV42A_Human_papillomavirus_ORF_E6,_ORF_E7,_ORF_E1,_O
RF_E2,_ORF_E4,_ORF_E5,_ORF_L2,_and_ORF_L1_genes,_complete_cds
CTTATTATAAACTACAATCCTGGCTTTGAAAAATAAGGGAGTAACCGAATTCGGTTCAAC
CGAAACCGGTACATATATAAACCACCCAAAGTAGTGGTCCCAGTTAAGGCAGAATGTCAG
GTACATCTGCCTCATCACAGCCACGCACATTATACCAATTGTGTAAGGAATTTGGGCTGA
CATTGCGGAATTTACAGATTTCTGCAATTTGGTGCAAAAAGCACTTAACAGGCGCAGAGG
TGCTCGCGTACCATTTTAAAGATTTGGTAGTGGTGTGGAGGAAGGACTTTCATATGCTG
CATGTGCATTTTGTGTTAGAAATTTAATTCTAAAAATTTGTGCACTGCGACACTACGAAAGAT
CAGCATTTTGGTATACAGTGGAGAAAGAACTGGACTACTTTTAGAAGAACAACAATTA
GATGTGCCCTTGTGTCAAAAGCCGTTATCACAGAGCGAAAAAACCATCATATTGATACAG
GTACAAGATTTCAATTTATATTGTGTGCTAGTGGACGGGTGCGGTGTACGCATTGCAGAGGAC
AATGCGTGGAGAGACGCCTACCCTAAAGGACATTGTTTTGTTTGACATACCAACGTGTGA
GACACCCATTGACCTGTATTGCTATGAACAATTGGACAGCTCAGATGAAGATGACCAAGC
CAAACAGGACATACAGCGTTACAGAATACTGTGTGTGTGTACACAGTGTACAGTCTGT
TAAACTCGTTGTGCACTGTACAGAGGCGGACATAAGAAACCTGCAACAGATGCTTTTGGG
CACACTGGATATTGTGTGTCCTTTGTGTGCCCCGCTGGAGTAACTGCAATGGCGGATGAT
ACAGGTACAGAGGAGGGGCTAGGGTGTCTGGATGGTTTTGTGTAGAAGCTATAGTAGAC
AAAACAACAGAAAATGCTATTTTCAGATGACGAGGACGAAAATGTAGACGATAGTGGGTTA
GATCTTGTGGATTTTGTAGATAATAGTACAGTAATACATACAAAGCAGGTACATGCACAA
GCCTTATTAAATAAACAACAAGCACATGCAGATCAGGAGGCAGTACAGGCACTAAAACGA
AAGCTATTAGGCAGTCCATATGAAAGCCCTGTCAGTGATTACAGCACAGCATAGACAAC
GACTAAGTCCTAGGCTTGGCGGTTTAAACGCTATGTCGGGGGTCCCAAGGGGCCAAACGA
CGATTATTCCAGTCACTGGAAAATCGAGACAGTGGATATGGCTATTCTGAAAGTGGAAGTA
CAGCAGACACAGGTAGAACACGGACATGGCGCCGTACATGGGACTATGGGTAACGGGGGG
GCAGTGGGTAGTGAACCTTGGGGTGCAGGAAAATGAAGAAGGTAGTACTACAAGTACGCCT
ACAACAAGGGTGGTAGAATTACTTAAGTGTAAGAACCCTGCATGCAACATTGTTAGGTAAG
TTTAAAGAATTGTTTGGAGTGTCAATTTGGCGATTTAGTAAGACAGTTTAAAAGTGACAAA
AGCAGTTGTACAGACTGGGTTATTGTCAGCATTTGGGGTTAATCATAGTATTGCAGAAGGG
TTTAATACATTAATTAAAGCAGATTTCACTATATACACATATACAATGGCTAACCTGTACG
TGGGGCATGGTGTATTATTAATGCTAATTAGATTTAAATGTGGAAAAATCGTACTACAGTG
TCCAAAGGCCTTAGTAAATTATTAACATACCTACAAATCAATTATTAATAGAGCCACCT
CGGTTACAAAGTGTGGCTGCCGCCATATACTGGTTTATAGATCAGGAATATCTAATGCTAGC
ATTGTAACCGGAGACACACCAGAGTGGATTCAAAGACAAACAATTTTAGAACATTGTTTTT
GCAGATGCCCAATTTAATTTAACAGAAATGGTGCAATGGGCATATGATAATGATATTACT
GAAGACAGTGACATTGCATATGAATATGCACAACGGGCAGACAGGGATAGCAATGCTGCT
GCATTTTTTAAAAAGTAACTGCCAGGCAAAAATATGTAAAAGATTGTGGCGTCATGTGCAGA
CATTATAAAAAAGCACAAATGAGACGTATGTCTATGGGTGCATGGATAAAACATAGAAGT
GCCAAGATAGGGGATAGTGGAGATTGGAACCTATAGTAAAATTTATTAGATATCAACAA
ATTGATTTTTTAGCATTTTATGTCTGCATTTAAAAAGTTTTTACATAATATACCTAAAAAA
AGTTGTTTGTGTTAATTGGTCTCCAAATACAGGAAAATCACAGTTTGGAAATGAGTTTA
ATAAACTTCTTAGCAGGAAGTGAATATCATTTGTAAATTCACATAGCCATTTTTGGCTG
CAGCCATTGGACAGTGCAAAAATAGCTATGCTGGATGATGCAACTCCACCATGTTGGACA
TATTTAGATATATATTTAAGAAATTTATTAGATGGCAATCCATGCAGTATAGATAGAAAA
CATAAAGCATTAACAGTTGTTAAGTGCCACCATTACTTATAACATCAAATACAGATATT

AGAACAAATGACAAATGGAAATACCTATACAGCAGAGTTAGTTTATTTGAATTTCCAAAT
CCATTTCCATTAGATACAAATGGAAATCCTGTATATGAATTAAATGACAAAAATTGGAAA
TCATTTTTTCAAAGGTTGTGGTCCAGCTTAGAATTTCAAGAATCAGAGGACGAGGAAGAC
TATGGAGAGACTGGCCAAACGTTTAGATGCGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTATGA
GGAAAATAGTAGGGATTTACAAAAACATATTGAACATTGGAAATGTTTACGTATGGAGGC
AGTGGTATTGTATAAGGCCCGTGAAATGGGCTTTGCAAATATAGGACATCAAATAGTACC
AACATTGGAAACATGTAGAGCCAAGGCCCACATGGCAATTGAAATACACTTGGCATTAGA
GACATTATTGCAGTCCTCGTATGGTAAAAGAACCATGGACATTGCAAGAAACAAGTAATGA
ACTGTGGCTTACGAATCCTAAAAAATGTTTTAAAAAACAAGGACGTACCGTGGAGGTTAT
ATTTGATGGAAAACAGGACAATGCAATGCATTATACAGCATGGACATATATATATATACA
AACTGTGCAAGGTACATGGTGTAAAGTACAAGGACACGTTTGCCATGCAGGACTATATTA
TATTGTGGAAAATATGAAACAGTTTTATTGTAAATTTTAAAGAGGAGGCCAAAAAATATGG
GGTAACAGACCAATGGGAGGTACATGATGGCAATCAGGTGATTGTTTCTCCTGCACCCAT
ATCTAGCACCACATCCACCGACGCAGAGATACCTCTACTGGATCTACTAAGTTGGTACA
ACAAGTGTGCACCACAAACCCATTGCACACCACAACGTCCATTGACAACCACCACGCAGA
CTGTACAGACGGAACAGCATAACAACGTGCCATCCAAACCTCACCGCCACGAAAACGATA
CAGACAGTGTGGACAGTCGCCATCACAGCACCTGCAGCACTCAAACCCCAGCATCCCCAG
CATCCCCAGCGCATCCGTGGACCCTGGATTGTGTGGGGTCAGAACTAACAGTGAAAACGTG
TAACAAGCGACGGAACCACTGTGGAAAGTCAGGCTACGCCTGTAATTCATTACAAGGTGA
CCCTAAGTGCCTAAATAGCCTACGATTTAGGCTAAAAAGAAATTTGTTACATTTATTTAC
ACAGGTGTCTACATACATGGCATTAAACAGAAAATGATTGTACACGTGACACTAAAACCTGG
TATAATAACAATACATTATTATGATGAAGCACAAAGAAATTTATTTTTAAATACTGTAAA
AATACCTTCTGGGATAAAATCCTGTATTGGATATATGTCTATGTTACAGTTTATATGATT
AGTTGTATATGTGTATAAACAGTTATAGGACTTCAATACTGTGACTCCACAACGTGTGGG
ACAACCGGCCAGAACTGCTGCTTTTTATTGTTTATAGTTGTTGGTGCCTGTGTGTGTGT
GTGTGGATTAGTTTACAAAATTATCCATATCCTGTATGGGCCTCTTGCCCTGCTAGCTAC
CTAACATTGGTGTCTATTATCATGGTTGCAGGTACTAACATACTTTGACTATTTTTTTCTA
TGTTTAAATCATCTTGGTATTCTTCTGTCTTACTAACATTACTAATACATTTAGCAATA
CAATAACACATATTAGTTTAGGTGTGTGTGTGTGGTGTGCATGTGATTTGTACATGGTTG
TACATATATAATACCAATTATTGTTTGGCTACTATTTTCATTTATAGCCACACTGCTGTT
TTGCATATTGGTATTACAAACATATAAACTGTTACCATACGTATATACAGTGCTGTAAAT
AAACTTTTGTATATTGTGTGTACTTCTTTTGTGCTATTACAATGCCACCACAACGGTCC
CGCAGACGAAAGCGGGCCTCTGCCACACAATTATATCAAACGTGTAAGGCCTCAGGGACA
TGTCCTCCAGATGTTATTCCCAAAGTTGAAGGAACCACATTGGCAGATAAAATTTTACAA
TGGGGTAGTTTtaggCGTGTTTTTTGGGGGGTTGGGAATTGGCACTGGTGCAGGTACGGGT
GGGCGCACGGGCTATGTGCCTCTGGGAACAAGGCCTCCTGTAATTGCTGAACCAGGACCT
GCAGTACGCCCACCAATAGCTGTTGACACCGTGGGGCCATCTGATCCTTCTATTGTTTCC
TTATTAGAAGAGTCATCAGTTATTGATGCAGGAATAACAGTACCTGATATTACTTCTCAT
GGAGGTTTTAATATTACTACATCTACTGGTGGGCCTGCCTCAACGCCTGCTATATTAGAT
ATCTCCCCCTCCCACCTAATACTATACGTGTCACAACAACCTACATCTACCAATCCTTTATAT
ATTGATCCTTTTACATTGCAGCCGCCATTGCCAGCAGAGGTTAATGGGCGCCTATTAATA
TCTACTCCTACCATCACACCCCACTCATATGAAGAAATACCAATGGACACGTTTGTGTGA
TCTACAGATACAACCTAACACATTTACTAGTACTCCCATTCCTGGCCCTCGGTCTGTGCA
CGCCTGGGGTTATATTCTAGAGCAACGCAACAACGTCCAGTTACTACCAGTGCATTTTTTA
ACATCTCCTGCACGGTTGGTTACTTATGACAAATCCAGCCTATGAAGGACTTACGGAGGAT
ACATTAGTATTTGAACATCCATCCATTCTACTGCACCTGACCCTGATTTTCATGGATATA
GTTGCATTGCATCGTCCTATGTTATCATCCAAACAGGGTAGTGTACGTGTTAGTAGAATT
GGACAAAGGCTGTCTATGATGACACAGTCGCGGGACCCGTTTTTGGGTACGTGTACACTTT
TTTCATGACCTTAGCCCTATTACACACTCTTCAGAAACTATTGAATTACAGCCTTTATCT
GCTTCTTCAGTATCTGCAGCCTCCAATATTAATGATGGGTTATTTGATATTTATGTTGAT
ACTAGTGATAAATGTTACAAATACCACCTTCTCTATACCTATGCATGGTTTTTGCTACC
CCCCGTTTTGTCCACTACATCTTTCCCTACATTACCTAGCATGTCTACACATTCTGCCAAT
ACCACCATACCTTTTTTCGTTTTCTGCCACTGTGCATGTGGGCCCTGATTTATCTGTTGTG
GACCACCATGGGACAGTACCCCAACGTCTGTAATGCCTCAGGGTAACTTTGTAATGGTA
TCAGGATGGGATTTTATATTGCATCCTAGTTATTTTTTGGCGTAGGCGCCGTAAACCTGTA

CCATATTTTTTTTGCAGATGTCCGTGTGGCGGCCTAGTGACAACAAGGTTTATCTACCTCC
TCCTCCTGTTTCCAAGGTGGTCAGCACTGATGAATATGTGCAACGCACCAACTACTTTTA
CCATGCCAGCAGTTCTAGGCTATTGGTTGTTGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAG
GCCAAATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTCTGGTTTACAGTACAGAGTATTTAGAGTTAG
GCTCCCTGATCCTAATAAGTTTACATTGCCTGAAACTAATTTATATAACCCAGAGACACA
GCGCATGGTGTGGGCCTGTGTGGGGCTAGAAGTAGGTCGTGGACAGCCTTTGGGCGTTGG
TATTAGTGGCCATCCATTATTGAATAAGTTGGATGATACTGAAAATGCGCCTACATATGG
TGGAGGCCCTGGTACAGACAATAGGGAAAAATGTTTCTATGGATTATAAAACAAACACAGTT
GTGTTTAGTTGGCTGTAAACCTGCCATAGGGGAGCACTGGGGTAAAGGTACTGCCTGTAC
ACCACAGTCCAATGGTGACTGCCCACCATTAGAATTAAAAAATAGTTTTATTTCAGGATGG
GGATATGGTGGATGTAGGGTTTTGGGGCACTAGATTTTGGTGCTTTACAATCCTCCAAAGC
TGAGGTACCTTTGGATATTGTAAATTCAAATTAATAATATCCTGATTACTTAAAAATGTC
TGCTGAGGCCTATGGTGACAGTATGTTTTCTTTTTAAGGCGAGAACAAATGTTTGTTCG
TCATTTGTTAATAGGGCTGGCGCAATTGGTGAACCTGTACCTGATGAACGTATACCAA
GGCTGCTAATAATGCATCTGGCAGACATAATTTAGGTAGTAGTATTTATTATCCTACCCC
TAGTGGTTCTATGGTAACATCTGATGCACAACATTTAATAAAACCATATTGGTTACAACA
AGCACAAGGACACAATAATGGTATATGTTGGGGAAATCAGCTATTTTTAACTGTGGTTGA
TACTACCCGTAGTACTAACATGACTTTGTGTGCCACTGCAACATCTGGTGATACATATAC
AGCTGCTAATTTTAAGGAATATTTAAGACATGCTGAAGAATATGATGTGCAATTTATATT
TCAATTGTGTAAAAATAACATTAACGTGTGAAGTTATGTGCATATATACACAATATGAATCC
TAACATATTAGAGGAGTGAATGTTGGTGTGACCACCACCTTCAGGAACTTTAGAAGA
TAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTTCGCTGTCAGGCTAAGGTAACAACGCCAGA
AAAAAAGGATCCTTATTTCAGACTTTTTGGTTTTGGGAGGTAAATTTATCTGAAAAGTTTTT
TACTGATTTAGATCAATTTCTTTTAGGTAGAAAGTTTTTACTGCAGGCCGGGTTGCGTGC
AAGGCCTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCTTCAGC
TAAACGTAAGAAAACACACAAATAGATGTATGTAGTAATGTTATGATACATATTTATGTT
ATTTATTTGTGTACTGTGTAAATAAACTACTTTTTATATGTTGTGTGTTCTCCATTTTGT
TTTTTGTACTCCATTTTGTCTTAGACCGATTTCGGTTGTATCTGGCCTGTTACCAGGTG
CATTGGCCATGTTTCCTAACATTTTGCAAACCTATTCACTTTTTAAATTTATAAATGCAA
TATGTGCTGCCAACTGTTTTATGGCACGTATGTTCTGCCAACGTACACTCCCTAATTCCT
TTACATAACACACACGCCTTTGCACAGGCATGTGCACAAAGGTTGGCAAAGGTTAGCATA
TCTCTGCAGTTACCCATTTCTTTTTCTTTTTTTATGTATGAGTAACTTAATTGTTAT
ATGTAATAAAAAAGCTTTTAGGCACATATTTTCAGTGTGGCATAACATTTACAAGTTA
CCTTGGCTTAAACAAGTAAAGTTATTTGTCACTGTTGACACATTACTCATATATATAATT
TGTTTTTAACATGCAGGTGGCAACCGAAACCGGTACATAAATCCTTCTTATTCTTTT
>gi|333049|gb|M12732.1|PPH33CG_Human_papillomavirus_type_33,_complete_genome
GTAAACTATAATGCCAAGTTTTTAAAAAGTAGGGTGTAAACCGAAAGCGGTTCAACCGAAA
ACGGTGCATATATAAAGCAAACATTTTGCAGTAAGGTACTGCACGACTATGTTTCAAGAC
ACTGAGGAAAAACCACGAACATTGCATGATTTGTGCCAAGCATTGGAGACAACTATACAC
AACATTGAACTACAGTGCGTGGAATGCAAAAAACCTTTGCAACGATCTGAGGTATATGAT
TTTGCATTTGCAGATTTAACAGTTGTATATAGAGAGGGAAATCCATTTGGAATATGTAAA
CTGTGTTTGCGGTTCCTATCTAAAATTAGTGAATATAGACATTATAATTATTCGTATAT
GGAAATACATTAGAACAACAGTTAAAAAACCTTTAAATGAAATATTAATTAGGTGTATT
ATATGTCAAAGACCTTTGTGTCCTCAAGAAAAAAAACGACATGTGGATTAAACAAACGA
TTTCATAATATTTCCGGTTCGTTGGGCAGGGCGCTGTGCGGCGTGTGGAGGTCCCGACGT
AGAGAACTGCACGTGTGACGTGTAAAAACGCCATGAGAGGACACAAGCCAACGTTAAAGG
AATATGTTTTAGATTTATATCCTGAACCAACTGACCTATACTGCTATGAGCAATTAAGTG
ACAGCTCAGATGAGGATGAAGGCTTGGACCGGCCAGATGGACAAGCACAACCAGCCACAG
CTGATTACTACATTGTAAACCTGTTGTGCACACTTGTAAACACCACAGTTCGTTTATGTGTCA
ACAGTACAGCAAGTGACCTACGAACCATACAGCAACTACTTATGGGCACAGTGAATATTG
TGTGCCCTACCTGTGCACAACAATAAACATCATCTACAATGGCCGATCCTGAAGGTACAA
ATGGGGCTGGGATGGGGTGTACTGGTTGGTTTTGAGGTAGAAGCAGTCATAGAGAGAAGAA
CAGGAGATAATATTTTCAAGAGATGAGGATGAAACAGCAGATGACAGTGGCACGGATTTAC
TAGAGTTTATAGATGATTCTATGAAAAATAGTATACAGGCAGACACAGAGGCAGCCCGGG
CATTGTTTAAATATACAGGAAGGGGAGGATGATTTAAATGCTGTGTGTGCACTAAAACGAA

AGTTTGCCGCATGTTACACAAAGTGCTGCGGAGGACGTTGTTGATCGTGCTGCAAACCCGT
GTAGAACGTCTATTAATAAAAAATAAAGAATGCACATACAGAAAACGAAAAATAGATGAGC
TAGAAGACAGCGGATATGGCAATACTGAAGTGGAACCTCAGCAGATGGTACAACAGGTAG
AAAGTCAAAATGGCGACACAACTTAAATGACTTAGAATCTAGTGGGGTGGGGGATGATT
CAGAAGTAAGCTGTGAGACAAATGTAGATAGCTGTGAAAATGTTACGTTGCAGGAAATTA
GTAATGTTCTACATAGTAGTAATACAAAAGCAAATATATTATATAAAATTTAAAGAGGCCT
ATGGAATAAGTTTTATGGAATTAGTAAGACCATTTAAAAGTGATAAAACAAGCTGTACAG
ATTGGTGTATAACAGGATATGGAATTAGTCCATCAGTAGCAGAAAGTTTTAAAAGTATTAA
TTAAACAGCATAGTTTTGTATACTCATTTTACAATGTTTTAACTTGCGATAGAGGAATAATA
TATTATTGTTAATTAGATTTTAGGTGTAGCAAAAACAGGTTAACAGTAGCAAACTAATGA
GTAATTTATTATCAATACCTGAAACATGTATGGTTATAGAGCCACCAAAATTACGGAGCC
AAACATGTGCATTGTATTGGTTTAGAACAGCAATGTCAAACATTAGTGATGTACAAGGTA
CAACACCTGAATGGATAGATAGACTAACTGTTTTACAACATAGCTTTAATGATAATATAT
TTGATTTAAGTGAAATGGTACAGTGGGCATATGATAACGAGTTAACGGACGATAGTGACA
TTGCATATTATTATGCACAACCTGCAGATTCAAATAGTAATGCTGCTGCATTTTTAAAAA
GTAACTCACAAGCAAAAATAGTAAAGGACTGTGGAATAATGTGTAGACATTATAAAAAAG
CAGAAAAACGTAAAATGTCAATAGGACAATGGATACAAAGTAGATGTGAAAAACAAATG
ATGGAGGAAATGGAGACCAATAGTACAGTTGTTAAGATATCAAAACATTGAATTTACAG
CATTTTATAGGTGCATTTAAAAAGTTTTTAAAAGGTATACCAAAAAAAGCTGTATGCTAA
TTTGTGGACCAGCAAAATACAGGAAAGTCATATTTTGGGAATGAGTTAATACAGTTTTTTAA
AAGGGTGTATTATATCATGTGTAAATTTCTAAAAGTCACTTTTGGTTGCAGCCATTATCAG
ATGCAAAAAATAGGAATGATAGATGATGTAACGCCAATAAGTTGGACATATATAGATGATT
ACATGAGAAATGCGTTAGATGGAATGAAAATTTCAATAGATGTGAAACATAGGGCATTAG
TGCAATTAAAAATGTCCACCCTGCTTCTTACCTCAAATACAAATGCAGGCACAGACTCTA
GATGGCCATATTTACATAGTAGATTAAACAGTATTTGAATTTAAAAATCCATTCCCATTG
ATGAAAATGGTAACCCAGTGTATGCAATAAATGATGAAAATTGGAAATCCTTTTTCTCAA
GGACGTGGTGCAAATTAGATTTAATAGAGGAAGAGGACAAGGAAAACCATGGAGGAAATA
TCAGCACGTTTAAATGCAGTGCAGGAGAAAATACTAGATCTTTACGAAGCTGATAAACT
GATTTACCATCACAAATTGAACATTGGAACTGATACGCATGGAGTGTGCTTTATTGTAT
ACAGCCAAACAAATGGGATTTTTCACATTTATGCCACCAGGTGGTGCCTTCTTTGTTAGCA
TCAAAGACCAAAGCATTTCAAGTAATTGAACTACAAATGGCATTAGAGACATTAAGTAAA
TCACAGTATAGTACAAGCCAATGGACATTGCAACAAACAAGCTTAGAGGTGTGGCTTTGT
GAACCACCAAATGTTTTTAAAAACAAGGAGAAACAGTAACTGTGCAATATGACAATGAC
AAAAAAAATACAATGGATTATACAACTGGGGTGAAATATATATTATAGAGGAAGATACA
TGTACTATGGTTACAGGGAAAGTAGATTATATAGGTATGTATTATATACATAACTGTGAA
AAGGTATATTTTAAATATTTTAAAGAGGATGCTGCAAAGTATTCTAAAACACAAATGTGG
GAAGTACATGTGGTGGTCAGGTAATTGTTTGTCTACGTCTATATCTAGCAACCAAATA
TCCACTACTGAACTGCTGACATACAGACAGACAACGATAAACCGACCACCACAAGCAGCG
GCCAAACGACGACGACCTGCAGACACCACAGACACCGCCAGCCCCCTTACAAAGCTGTTT
TGTGCAGACCCCGCCTTGGAACAATAGAACAGCACGTAAGTGCACAACTAAGTGCACAAACA
CAGCGGACTGTGTGTAGTTCTAACGTTGCACCTATAGTGCATTTAAAAGGTGAATCAAAT
AGTTTAAAAATGTTTAAAGATACAGATTA AAAACCTTATAAAGAGTTGTATAGTTCTATGTCA
TCCACCTGGCATTTGGACAGTGACAACAAAAATAGTAAAAATGGAATTGTAACGTGAACA
TTTGTAACGTGAACAGCAACAACAAATGTTTTTAGGTACCGTAAAAATACCACCTACTGTG
CAAATAAGTACTGGATTTATGACATTATAAGTGTACATCACAAGCCAATATGTGCTGCTA
ATTGTATATAACCATGATATTTGTTTTTGTATTATGTTTTATATTGTTTTATGCTTATC
CTTATTATTACGTCCTTTAATACTTTCCATTTCTACCTATGCTTGGTTGCTGGTGTGGT
ATTGCTGCTTTGGGTGTTTGTGGGATCTCCTTTAAAATTTTTTTTTTGGCTATTTGTTGTT
TTTATATTACCAATGATGTGTATTAATTTTCATGCACAGCATATGACACAACAAGAGTA
ATGTATATACATGTATATATTGTTTGTATATATGTGCACATGGTGGTGTTTAACATTGT
TGTTGTTATTTTAGTTTTTTTTTTTTTGTATATACTAATAAATACCTTTATATTTTAGCAG
TGTATTATTATGAGACACAAACGATCTACAAGGCGCAAGCGTGATCTGCAACACAACCTA
TACCAAAACATGCAAGGCCACAGGCACCTGCCCACCCGATGTTATTCTTAAAGTGGAAGGA
AGTACCATAGCAGATCAAATTTCTTAAATATGGCAGTTTAGGGGTTTTTTTTTGGTGGTTTA
GGTATTGGCACAGGCTCTGGTTCAGGTGGAAGGACTGGCTATGTACCTATTGGTACTGAC

CCACCTACAGCTGCAATCCCCTTGCAGCCTATACGTCCTCCGGTACTGTAGACACTGTT
GGACCTTTAGACTCGTCTATAGTGTCATTAATAGAAGAAACAAGTTTTATAGAGGCAGGT
GCACCAGCCCCATCTATTCCCTACACCATCAGGTTTTGATGTTACTACATCTGCAGATACT
ACACCTGCAATTATTAATGTTTTCATCTGTTGGGGAGTCATCTATTCAAACCTATTTCTACA
CATTTAAATCCCACATTTACTGAACCATCTGTACTACACCCTCCAGCGCCTGCAGAAGCC
TCTGGACATTTTATATTTTCTTCCCCTACTGTTAGCACACAAAGTTATGAAAACATACCA
ATGGATACCTTTGTTGTTTCCACAGACAGTAGTAATGTAACATCAAGCACGCCCATTTCCA
GGGTCTCGCCCTGTGGCACGCCTTGGTTTATATAGTCGCAATACCCAACAGGTTAAGGTT
GTTGACCCTGCTTTTTTAAACATCGCCTCATAACTTATAACATATGATAATCCTGCATTT
GAAAGCTTTGACCCTGAAGACACATTACAATTTCAACATAGTGATATATCACCTGCTCCT
GATCCTGACTTTCTAGATATTATTGCATTACATAGGCCTGCTATTACATCTCGTAGACAT
ACTGTGCGTTTTAGTAGAGTAGGTCAAAAAGCCACACTTAAACTCGCAGTGGTAAACAA
ATTGGAGCTAGAATACATTATTATCAGGATTTAAGTCCTATTGTGCCTTTAGACCACACC
GTGCCAAATGAACAATATGAATTACAGCCTTTACATGATACTTCTACATCGTCTTATAGT
ATTAATGATGGTTTGTATGATGTTTATGCTGACGATGTGGATAATGTACACACCCCAATG
CAACACTCATACAGTACGTTTGAACAACACGTACCAGCAATGTGTCTATACCTTTAAAT
ACAGGATTTGATACTCCTGTTATGTCTGGCCCTGATATACCTTCCCCTTTATTTCCCACA
TCTAGCCCATTTGTTCCCTATTTTCGCTTTTTTTCCTTTTGACACCATTGTTGTAGACGGT
GCTGACTTTGTTTTACATCTAGTTATTTATTTTACGTGCGAGGCGTAAACGTTTTTCCA
TATTTTTTTACAGATGTCCGTGTGGCGGCCCTAGTGAGGCCACAGTGTACCTGCCTCCTGT
ACCTGTATCTAAAGTTGTGTCAGCACTGATGAATATGTGTCTCGCACAAAGCATTTATTATTA
TGCTGGTAGTTCCAGACTTCTTGCTGTTGGCCATCCATATTTTTTCTATTAAAAATCCTAC
TAACGCTAAAAAATTATTGGTACCCAAAAGTATCAGGCTTGCAATATAGGGTTTTTtagggT
CCGTTTACCAGATCCTAATAAATTTGGATTTTCCTGACACCTCCTTTTTATAACCCTGATAC
ACAACGATTAGTATGGGCATGTGTAGGCCTTGAAATAGGTAGAGGGCAGCCATTAGGCGT
TGGCATAAGTGGTCATCCTTTATTAACAACAAATTTGATGACACTGAAACCGGTAACAAGTA
TCCTGGACAACCGGGTGCTGATAATAGGGAATGTTTATCCATGGATTATAAACAACACA
GTTATGTTTACTTGGATGTAAGCCTCCAACAGGGGAACATTGGGGTAAAGGTGTTGCTTG
TACTAATGCAGCACCTGCCAATGATTGTCCACCTTTAGAACTTATAAATACTATTATTGA
GGATGGTGATATGGTGGACACAGGATTTGGTTGCATGGATTTTAAACATTGCAGGCTAA
TAAAGTGATGTTCCCTATTGATATTTGTGGCAGTACATGCAAATATCCAGATTATTTAAA
AATGACTAGTGAGCCTTATGGTGATAGTTTATTTTTCTTTCTTCGACGTGAACAAATGTT
TGTAAGACACTTTTTTAATAGGGCTGGTACATTAGGAGAGGCTGTTCCCGATGACCTGTA
CATTAAAGGTTTCAGGAATACTGCCTCTATTCAAAGCAGTGCTTTTTTTCCCACTCCTAG
TGGATCAATGGTTACTTCCGAATCTCAGTTATTTAATAAGCCATATTGGCTACAACGTGC
ACAAGGTCATAATAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGGTATTTGTTACTGTGGTAGATAC
CACTCGCAGTACTAATATGACTTTATGCACACAAGTAAGTACTAGTGACAGTACATATAAAAA
TGAAAATTTTAAAGAATATATAAGACATGTTGAAGAATATGATCTACAGTTTGTTTTTCA
ACTATGCAAAGTTACCTTAACTGCAGAAAGTTATGACATATATTCATGCTATGAATCCAGA
TATTTTtagaagATTGGCAATTTGGTTTAAACACCTCCTCCATCTGCTAGTTTACAGGATAC
CTATAGGTTTGTACCTCTCAGGCTATTACGTGTCAAAAAACAGTACCTCCAAAGGAAAA
GGAAGACCCCTTAGGTAAATATACATTTTGGGAAGTGGATTTAAAGGAAAAATTTTCAGC
AGATTTAGATCAGTTTCCTTTGGGACGCAAGTTTTTTATTACAGGCAGGTCTTAAAGCAAA
ACCTAAACTTAAACGTGCAGCCCCCACATCCACCCGCACATCGTCTGCAAAACGCAAAAA
GGTTAAAAAATAACACTTTGTGTAATTGTGTTATGTTGTTGTTTGTCTGTCTATGTAC
TTTGTGTTGTTGTGTTGTGTTGTTGTTGTTTTTGTGTATGTGTTACAATGTATGTTAT
GTTGTATGTTACTGTGTTTGTGTTTATGTGTACTTGTGTTGTGTGCATGTTCTATGTACTTG
TCAGTTTCCTGTTTGTGTATATGTTAATAAAACATTGTGTGTATTTGTTAAACTATTTGT
ATGTATGTTATGTATATGGGTGTACCTATATGAGTAAGGAGTTGTATTGCTTGCCCTACC
CTGCATTGCAATGTACCTACCTTATTTCCCTATATTTGTAGTACCTACATGTTTAGTAT
TGCTTTACCTTTTGACATACTAGTGTCATATTGTACAATTTCCCTCCATTTTGTATGCCT
AACCCTTTTTCGGTTACTTGGCATAACATACCCTATGACATTGGCAGAACAGTTAATCCTTT
TCTTTCTGCACTGTGTTTGTCTGTACTTGCTGCATTGGCATAACATACCCTATGACATTG
GCAGAACAGTTAATCCTTTTTCTTTCTGCACTGTGTTTGTCTGTACTTGCTGCATTGACT
CATATATACATGCAGTGCAATTGCAAAAATACTTAATTGTACTAATAGTTTACACATGCTT

TTAGGCACATATTTTTACTTTACTTTCAAACCTTAAGTGCAGTTTTGGCTTACACAATTG
CTTTGTATGCCAAACTATGCCTTGTAAGTGAGTCACTACCTGTTTATTACCAGGTGTG
GACTAACCGTTTTAGGTCATATTGGTCATTATAATCTTTTATATAATA
>gi|333048|gb|J04353.1|PPH31A_Human_papillomavirus_type_31_(HPV-
31)_complete_genome
TAATAATAATAATCTTAGTATAAAAAAGTAGGGAGTGACCGAAAGTGGTGAACCGAAAAC
GGTTGGTATATAAAGCACATAGTATTTTGTGCAAACCTACAGACGCCATGTTCAAAAATC
CTGCAGAAAAGACCTCGGAAATTGCATGAACTAAGCTCGGCATTGGAAATACCCTACGATG
AACTAAGATTGAATTGTGTCTACTGCAAAGGTCAGTTAACAGAAAACAGAGGTATTAGATT
TTGCATTTACAGATTTAACAATAGTATATAGGGACGACACACCACACGGAGTGTGTACAA
AATGTTTAAAGATTTTATTCAAAAAGTAAAGTGAATTTAGATGGTATAGATATAGTGTGTATG
GAACAACATTAGAAAAATTGACAAACAAAGGTATATGTGATTTGTTAATTAGGTGTATAA
CGTGTCAAAGACCGTTGTGTCCAGAAGAAAAACAAAGACATTTGGATAAAAAAGAAACGAT
TCCACAACATAGGAGGAAGGTGGACAGGACGTTGCATAGCATGTTGGAGAAGACCTCGTA
CTGAAACCCAAGTGTAACATGCGTGGAGAAAACACCTACGTTGCAAGACTATGTGTTAGA
TTTGCAACCTGAGGCAACTGACCTCCACTGTTATGAGCAATTACCCGACAGCTCAGATGA
GGAGGATGTCATAGACAGTCCAGCTGGACAAGCAGAACCGGACACATCCAATTACAATAT
CGTTACCTTTTGTGTGTCAGTGTAAAGTCTACACTTCGTTTGTGTGTACAGAGCACACAAGT
AGTATTTCGCATATTGCAAGAGCTGTTAATGGGCTCATTGGAATCGTGTGCCCCAACTG
TTCTACTAGACTGTAACTACAATGGCTGATCCAGCAGGTACAGATGGGGAGGGGACGGGA
TGCAATGGTTGGTTTTATGTAGAAGCAGTAATTGACAGACAGACAGGGGACAACATTTCA
GAGGACGAAAAATGAAGACAGTAGTGATACTGGGGAGGATATGGTTGACTTTATTGACAAT
TGTAATGTATACAACAATCAGGCAGAAGCAGAGACAGCACAGGCATTGTTTCATGCACAG
GAAGCGGAGGAACATGCAGAGGCTGTGCAGGTTCTAAAACGAAAAGTATGTAGGTAGTCCT
TTAAGTGATATTAGTAGTTGTGTGGATTATAATATTAGTCCACGGTTAAAAGCTATATGC
ATAGAAAAATAACAGTAAAACAGCAAAACGAAGACTCTTTGAACTTCCAGACAGCGGGTAT
GGCAATACTGAAGTGGAACGCAGCAGATGGTACAGGTAGAGGAGCAACAAACAACATTA
AGTTGTAATGGTAGTGACGGGACACATAGTGAACGAGAGAATGAACTCCAACACGTAAT
ATATTGCAAGTGTTAAAACTAGCAATGGTAAAGCTGCTATGTTAGGTAAATTTAAAGAA
TTATATGGTGTAAGTTTTATGGAACATAATTAGGCCATTTCAAAGCAATAAAAGCACATGT
ACTGATTGGTGTGTAGCTGCGTTTGGAGTTACAGGTACAGTTGCAGAAGGATTTAAAACC
CTATTGCAACCATATTGTTTGTATTGCCATTTACAAAGTTTAGCATGTTCTGGGGCATG
GTTATGTTAATGCTTGTGAGATTTAAATGTGCAAAAATAGAATAACAATTGAAAAATTA
TTAGAAAAATTATTGTGTATATCTACAAATTGTATGTTAATTCAGCCACCCAAATTACGT
AGCACAGCTGCAGCATTATATTGGTACAGAACAGGAATGTCAAACATTAGCGATGTATAT
GGTGAAACACCAGAATGGATAGAAAGACAAACAGTATTACAGCATAGTTTAAATGACACA
ACATTTGATTTGTCCCAAATGGTACAATGGGCATATGACAATGATGTTATGGATGATAGT
GAAATTGCCCTATAAATATGCACAATTAGCTGACAGTGATAGTAATGCATGTGCATTTTTTA
AAAAGTAATTCGCAGGCAAAAATAGTTAAAAGATTGTGGAACAATGTGTAGACATTATAAA
CGAGCAGAAAAACGACAAATGTCCATGGGACAGTGGATTAAAAGTAGATGTGACAAAGTT
AGTGACGAAGGTGACTGGAGGGACATAGTAAAGTTTTTAAAGATATCAACAAATAGAATTT
GTGTCATTTTTATCTGCATTAAAGCTGTTTTTAAAAGGAGTGCCAAAGAAAAAACTGTATT
TTAATACATGGTGCACCTAATACAGGTAAATCATATTTTGGAATGAGCCTTATTAGCTTT
TTACAAGGATGTATAATATCATATGCAAATTCAAAAAGTCATTTTTGGTTACAACCACTG
GCTGATGCTAAAAATAGGCATGTTAGATGATGCTACAACGCCATGTTGGCATTATATAGAC
AATTACCTACGAAATGCACTAGATGGCAACCTGTATCTATAGATGTAAAGCATAAAGCT
TTAATGCAGTTAAAATGTCCTCCTTTATTGATTACATCTAATATAAATGCAGGTAAGGAT
GACAGATTGGCCATACCTACATAGCAGACTGGTGGTTTTTACATTTCCAAATCCATTTCCA
TTTGACAAAAACGGAATCCAGTATATGAATTAAGTGATAAAAACTGGAAATCCTTTTTTC
TCAAGGACCTGGTGCAGATTAATAATTGCAAGGAGGAAGAGGACAAAGAAAAACGATGGAGAC
TCTTTCTCAACGTTTTAAATGTGTGTCAGGACAAAATATTAGAACATTATGAAAATGATAG
TAAACGACTTTGTGATCATATAGACTATTGGAAACATATTGCACTTGAATGTGTATTAAT
GTATAAAGCAAGAGAAATGGGAATACACAGTATTAACCACCAGGTGGTGCCAGCGTTGTC
AGTATCAAAAGGCCAAAGCCTTACAAGCTATTGAACTACAAATGATGTTGGAAACATTTAA
TAACACTGAATACAAAAATGAGGACTGGACAATGCAGCAAACAAGTCTTGAACGTGATTT

AACTGCACCTACAGGGTGTTTAAAAAACATGGATATACTGTAGAGGTGCAATTTGATGG
TGATGTACACAACACCATGCATTATACTAACTGGAAATTTATATACCTATGTATAGATGG
CCAATGTACTGTTGTGGAAGGGCAAGTTAATTGTAAGGGCATTATTATGTACATGAAGG
ACATATAACATATTTTGTAAATTTTACAGAAGAGGCCAAAAAATATGGGACTGGTAAAAA
ATGGGAAGTGCATGCGGGTGGTCAGGTAATTGTTTTTCTGAATCTGTATTTAGCAGTGA
CGAAATATCCTTTGCTGGGATTGTTACAAAGCTACCAACAGCCAACAACACCACCACATC
GAATTCCAAAACCTGCGCCTTGGGCACCAGTGAAGGTGTGCGGCGGGCGACGACGTCTAC
TAAGCGACCAAGAACAGAGCCAGAGCACAGAAACACCCACCACCCCAACAAGTTGTTGCG
AGGCGACTCCGTGGACAGTGTCAACTGTGGGGTTATCAGTGCAGCTGCATGCACAAACCA
AACAAGGGCTGTCAGTTGTCCTGCAACTACACCTATAATACACTTAAAAGGTGATGCAAA
TATATTAAAAATGTTTAAAGATATAGGCTGTCAAAATATAAACAATTGTATGAACAAGTGTC
ATCTACATGGCATTGGACATGTACAGATGGAAAACATAAAAAATGCTATTGTAACCTTAAC
ATATATAAGTACATCACAAAGAGACGATTTTTTAAATACTGTAAAAATACCTAACACAGT
ATCAGTGTCAACAGGATATATGACTATTTAGCCTAATGATTGAACTAAATATTTCTACAG
TAAGCATTGTGCTATGCTTTTTGCTTTGCTTTGTGTGCTACTATTTGTGTGCTTTGTCA
TACGTCCACTTGTGCTGTCTGTGTGCGGTATATGCAACACTACTATTATTAATTGTGATTT
TATGGGTATTGCAACCTCTCCATTACGTTGTTTTTGTATATATGTTGTGTTTATATATA
TTCCATTATTTGTAATTCATACACATGCATCTTTTTTAAAGTCAACAGTAACTTTTTTACT
TGTGTATATCTGTTGTTTTTTTGGTATTGGTATTGGTATTGGTATTGGTATTGGTATAAT
AAACTTTTTTACTTTTTTTTTTATTATTATACCATTGCGGTCCAAACGCTCTACAAAACGCACT
AAACGTGCGCTGCTACACAATTATATCAAACATGTAAAGCAGCAGGTACTTGTCCATCA
GACGTTATACCTAAAATAGAACATACTACCATTGTCAGACCAAATATTAAGGTATGGTAGT
ATGGGTGTTTTTTTTTGGTGGGTGGGTATTGGGTCCGGCTCTGGTACTGGGGGTGCGCACT
GGATATGTCCCTCTTAGTACACGTCCCTTCTACAGTATCTGAGGCAAGTATACCTATTAGA
CCACCAGTTAGCATTGACCCTGTAGGTCCCTTGGACCCCTCTATAGTAAGTCTTGTTGAA
GAATCTGGAATTGTTGATGTTGGTGCCCTGCTCCTATACCACACCCCTCCTACAACATCT
GGGTTTGACATTGCTACAACCTGCAGACACAACACCTGCAATTTTAGATGTAACAAGTGTT
AGCACACATGAAAATCCTACTTTTACTGATCCATCTGTATTGCAGCCTCCTACACCTGCA
GAAACATCAGGTCATTTACTACTTTTCATCATCATCTATTAGCACACATAATTATGAGGAA
ATACCTATGGATACATTTATTGTTTCTACTAATAATGAAAACATAACAAGTAGCACACCC
ATTCCAGGGGTGCGCCGCTCTGCACGTTTAGGGTTATATAGTAAGGTACACAACAAGTA
AAAGTTATTGATCCAACGTTTCTTAGTGCTCCAAAACAGCTAATTACATATGAAAACCCT
GCCTATGAAACTGTAAATGCTGAAGAATCTTTATACTTTTCCAATACATCGCATAATATA
GCCCCGTATCCCGACTTTCTAGATATTATAGCATTACATAGGCCTGCCCTTACCTCACGT
AGGAACACTGTTAGATATAGTAGACTAGGTAATAAACAACCTTTGCGCACTCGTAGTGGT
GCTACTATTGGTGCAAGGGTGCATTATTATTATGATATTAGTAGTATTAATCCTGCAGGT
GAAAGTATTGAAATGCAACCTTTAGGGGCGTCTGCAACTACTACTTCTACTTTAAATGAT
GGCTTATATGACATTTATGCAGACACTGATTTTACTGTGGATACACCTGCCACACATAAT
GTTTCCCCCTTCTACTGCTGTACAGTCCACATCTGCTGTGTCTGCCTATGTACCTACAAAT
ACCACTGTGCCACTAAGTACAGGTTTTGACATTCCCATATTTTCTGGGCCTGATGTACCT
ATAGAGCATGCACCTACACAGGTTTTCCCATTTCCCTTTGGCCCCCTACAACGCCACAAGTG
TCTATTTTTGTGATGGGGTGATTTTTTATTTGCACCCTAGTTATTATATGTTAAAACGT
CGACGTAAACGTGTATCATATTTTTTTTACAGATGTCTCTGTGGCGGCCTAGCGAGGCTAC
TGTCTACTTACCACCTGTCCCAGTGTCTAAAGTTGTAAGCACGGATGAATATGTAACACG
AACCAACATATATTATCACGCAGGCAGTGCTAGGCTGCTTACAGTAGGCCATCCATATTA
TTCCATACCTAAATCTGACAATCCTAAAAAATAGTTGTACCAAAGGTGTCAGGATTACA
ATATAGGGTATTTAGGGTTGTTTTACCAGATCCAAACAAATTTGGATTTCCTGATACATC
TTTTTATAATCCTGAACTCAACGCTTAGTTTGGGCCCTGTGTTGGTTTAGAGGTAGGTCG
CGGGCAGCCATTAGGTGTAGGTATTAGTGGTCATCCATTATTAATAAATTTGATGACAC
TGAAAACCTTAATAGATATGCCGGTGGTCCCTGGCACTGATAATAGGGAATGTATATCAAT
GGATTATAAACAAACACAACCTGTGTTTACTTGGTTGCAAACCACCTATTGGAGAGCATTG
GGGTAAAGGTAGTCCCTGTAGTAACAATGCTATTACCCCTGGTGATTGTCCCTCCATTAGA
ATTAAAAAATTCAGTTATACAAGATGGGGATATGGTTGATACAGGCTTTGGAGCTATGGA
TTTTTACTGCTTTTACAAGACACTAAAAGTAATGTTCCCTTTGGACATTTGTAATTCTATTTG
TAAATATCCAGATTATCTTAAAATGGTTGCTGAGCCATATGGCGATACATTATTTTTTTTA

TTTACGTAGGGAACAAATGTTTGTAAAGGCATTTTTTTAATAGATCAGGCACGGTTGGTGA
ATCGGTCCCTACTGACTTATATATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTAACAG
TACATACTTTCCTACACCTAGCGGCTCCATGGTTACTTCAGATGCACAAATTTTTAATAA
ACCATATTGGATGCAACGTGCTCAGGGACACAATAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGTT
ATTTGTTACTGTGGTAGATACCACACGTAGTACCAATATGTCTGTTTGTGCTGCAATTGC
AAACAGTGATACTACATTTAAAAGTAGTAATTTTAAAGAGTATTTAAGACATGGTGAGGA
ATTTGATTTACAATTTATATTTTCAGTTATGCAAAATAACATTATCTGCAGACATAATGAC
ATATATTCACAGTATGAATCCTGCTATTTTGGAAAGATTGGAATTTTGGATTGACCACACC
TCCCTCAGGTTCTTTGGAGGATACCTATAGGTTTGTACCTCACAGGCCATTACATGTCA
AAAAACTGCCCCCAAAAGCCCAAGGAAGATCCATTTAAAGATTATGTATTTTGGGAGGT
TAATTTAAAAGAAAAGTTTCTGCAGATTTAGATCAGTTTCCACTGGGTCGCAAATTTTT
ATTACAGGCAGGATATAGGGCACGTCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTC
AGCATCTACCACTACACCAGCAAAACGTAAAAAACTAAAAAGTAATGGATGTGTATGTA
ATACATGTGTCTGTATGTGTATGTGCTTGTGCTGTATTGTATATGTGTGTGTTGTGTGT
TATATATGGTATATGTATGTTTATGTATGCGTGTGTACTTGTATATATGTATAGTATGTT
ATGTGTGTATGTATGCTATGTATGTTAATAAATATGTGTATACCTGTGTGTGTTGTGTAT
GTTGTCTTATATACACCCTATTAGTAACATACTATTACTATTTTATAAACTATTGTTCC
TACTTGTTCCTACTTGTTCCTGCTCCTCCCAATAGTCATGTACTTATTTCTGCCTATAAT
TTAGGTGTACGCCATAGTAAAAGTTGTACACCCGGTCCGTTTTTTTGCAACTAAAGCTAC
TCCATTTTGATTTTATGCAGCAATTTTAAATCCCTAACCGTTTTTCGGTTGCATTGTTTAA
ACATGTTAGTACAACATATGCTGATGCAGTAGTTCTGCGGTTTTTGGTTTCCTGAATACTA
GTTTTTGCCAACATTCTGGCTTGTAGTTTCTGCTAACACACCTTGCCAACATATAATC
CAGTCCAACCTTGCAATTATACTATGAATCATGTTTGTTTAAATACAACGTAGTTCAAC
TATGTGTCATGCACATATATTATATTATCCTACACACCTTAAACTGCTTTTAGGCACATA
TTTTGTAGATTATCTATATCCTTGATTGCAGTGCTGGCTTTTGACATGTTTAAACTGCC
AAGGTTGTGTCATGCATTATAAATAAGTTGTATGTTACTCATATAATTAATTGCATATAG
GTATTACACCGTTTTCGGTTACAGTTTACAAGCAATTGTTCTTTTTTATACT

>gi|333026|gb|M14119.1|PPH11_Human_papillomavirus_type_11_(HPV-
11)_complete_genome

CTTAATAACAATCTTAGTTTAAAAAAGAGGAGGGACCGAAAACGGTTCAACCGAAAACGGTTATATATAA
ACCAGCCCCAAAAATTAGCAGACGAGGCATTATGGAAAGTAAAGATGCCTCCACGTCTGCAACATCTATA
GACCAGTTGTGCAAGACGTTTAAATCTTTCTTTGCACACTCTGCAAATTCAGTGCGTGTGTTTGCAGGAATG
CACTGACCACCGCAGAGATATATGCATATGCCTATAAGAACCTAAAGGTTGTGTGGCGAGACAACCTTCC
CTTTGCAGCGTGTGCCTGTTGCTTAGAACTGCAAGGGAAAATTAACCAATATAGACACTTTAATTATGCT
GCATATGCACCTACAGTAGAAGAAGAAACCAATGAAGATATTTTAAAAGTGTTAATTCGTTGTTACCTGT
GTCACAAGCCGTTGTGTGAAATAGAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAACTAAA
TAACCAAGTGGAAGGGTCGTTGCTTACACTGCTGGACAACATGCATGGAAGACTTGTTACCCTAAAGGATA
TAGTACTAGACCTGCAGCCTCCTGACCTGTAGGGTTACATTGCTATGAGCAATTAGAAGACAGCTCAGA
AGATGAGGTGGACAAGGTGGACAAAACAAGACGCACAACCTTTAACACAACATTACCAAATACTGACCTGT
TGCTGTGGATGTGACAGCAACGTCCGACTGGTTGTGGAGTGCACAGACGGAGACATCAGACAACCTACAAG
ACCTTTTGTGTTGGGCACACTAAATATTGTGTGTCCCATCTGCGCACCAAAAACCATAACAAGGATGGCGGAC
GATTCAGGTACAGAAAATGAGGGGTGCGGGGTGTACAGGATGGTTTATGGTAGAAGCCATAGTAGAGCACA
CTACAGGTACACAAATATCAGAAGATGAGGAAGAGGAGGTGGAGGACAGTGGGTATGACATGGTGGACTT
TATTGATGACAGGCATATTACACAAAATCTGTGGAAGCACAGGCATTGTTTAAATAGGCAGGAGGCGGAT
GCTCATTATGCGACTGTGCAGGACCTAAAACGAAAGTATTTAGGCAGTCCATATGTAAGTCCTATAAGCA
ATGTAGCTAATGCAGTAGAAAGTGAGATAAGTCCACGGTTAGACGCCATTAACTTACAACACAGCCAAA
AAAGGTAAAGCGACGGCTGTTTGAAACACGGGAATTAACGGACAGTGGATATGGCTATTCTGAAGTGGAA
GCTGCAACGCAGGTAGAGAAACATGGCGACCCGGAAATGGGGGAGATGGTCAGGAAAGGGACACAGGGA
GGACATAGAGGGTGAGGGGTGGAACATAGAGAGGCGGAAGCAGTAGACGACAGCACCCGAGAGCATGTC
AGACACATCAGGAATATTAGAATTACTAAAAATGTAAGGATATACGATCTACATTACATGGTAAGTTTAA
GACTGCTTTGGGCTGTCATTTGTTGATTAAATTAGGCCATTTAAAAGTGATAGAACCACATGTGCCGATT
GGGTGGTTGCAGGATTTGGTATACATCATAGCATAGCAGATGCATTTCAAAAGTTAATTGAGCCATTAAG
TTTATATGCACATATACAATGGCTTACAAATGCATGGGGAATGGTACTATTAGTATTAATAAGGTTTAA
GTAAATAAGAGCAGATGTACCGTGGCACGTACATTAGGTACGTTATTAAATATACCTGAAAATCACATGT
TAATTGAGCCTCCTAAATACAAAGTGGCGTACGAGCCCTGTATTGGTTTAGGACAGGCATTTCAAATGC

AAGTACAGTTATAGGGGAGGCGCCGGAATGGATAACGCGCCAGACCGTTATTGAACATAGTTTGGCTGAC
AGTCAATTTAAATTAACCTGAAATGGTGCAGTGGGCATATGATAATGATATTTGTGAAGAAAGTGAGATAG
CATTTGAATATGCACAGCGTGGAGACTTTGACTCCAATGCAAGGGCCTTTTAAATAGTAATATGCAGGC
TAAATATGTAAAAGATTGTGCAATTATGTGCAGACATTATAAACATGCAGAAATGAAAAAGATGTCTATT
AAACAATGGATTAAGTATAGGGGTACTAAAGTTGACAGTGTAGGTAACCTGGAAGCCAATTGTGCAGTTTC
TAAGACATCAAAACATAGAATTTATTCCATTTTAAAGCAAACCTAAAATTATGGCTGCACGGAACGCCCAA
AAAAAATTGTATAGCCATTGTAGGGCCACCTGACACTGGGAAGTCGTGCTTTTGCATGAGTTTAATTAAG
TTTTTGGGGGGAACAGTTATTAGTTATGTTAATTCCTGCAGCCATTTCTGGCTACAGCCACTAACGGATG
CAAAAGTGGCATTATTGGATGATGCCACACAACCATGTTGGACATATATGGATACATATATGAGAAAACCT
ATTAGATGGTAATCCTATGAGCATAGATAGAAAACATAGAGCATTAACATTAATTAAGTGTCCACCGCTA
CTGGTTACATCAAATATAGACATTAGCAAAAGAGGAGAAATACAAATATTTACATAGTAGAGTTACCACAT
TTACATTTCCAAATCCATTCCCCTTTGACAGAAATGGGAATGCAGTATATGAACTATCAGATGCAAACTG
GAAATGTTTCTTTGAAAGACTGTGCTCCAGCCTAGACATTGAGGATTCAGAGGACGAGGAAGATGGAAGC
AATAGCCAAGCGTTTAGATGCGTGCCAGGATCAGTTGTTAGAACTTTATGAAGAAAACAGTATTGATATA
CACAAACACATTATGCATTGGAAATGCATACGATTGGAAAGTGTATTACTACACAAAGCAAAACAAATGG
GCCTGAGCCACATCGGGTTACAAGTAGTACCACCATTAACCTGTGTGCAGAGACTAAAGGACATAATGCTAT
TGAAATGCAATGCATTTAGAATCCTTAGCAAAAACCTCAGTATGGTGTGGAACCTTGGACATTACAGGAC
ACCAGTTATGAAATGTGGCTAACACCACCCAAACGGTGCTTTAAAAAACAGGGAAATACTGTGGAGGTAA
AATTTGATGGCTGTGAAGCAATGTAAATGGAGTATGTGATGGACACATATATACCTGCAGGACAACGA
CTCATGGGTAAAAGTAGAATAGTTCCGTAGATGCCAAGGCATATATTATACATGTGGACAATTTAAAAACA
TATTATGTAAATTTTAAATAAAGAGGCACAAAAGTATGGTAGTACCAATCATTGGGAAGTATGTTATGGCA
GCACAGTTATATGTTCTCCTGCATCTGTATCTAGCACTGTACGAGAAGTATCCATTGCTGAACCTACTAC
ATACACCCCCGCACAGACCACCGCCCCCTACAGTGTCCGCCTGCACCACGGAAGACGGCGTGTGCGCGCCG
CCTAGGAAGCGAGCACGTGGACCGTCCACTAACACACCCTGTGTGTGGCCAACATCAGATCCGTGGACA
GTACAATCAACAACATCGTCACTGACAATTACAACAAGCACCAAGAAGGAACAACCTGTCACAGTGCAGC
TACGCCTATAGTGCAACTGCAAGGTGATTCCAATTGTTTAAATGTTTTAGATATAGACTGAATGACAAA
TATAAACATTTGTTTGAATTAGCATCTTCAACGTGGCATTGGGCCTCACCTGAGGCACCACATAAAAAATG
CAATTGTAACATTAACATATAGCAGTGAGGAACAACGTCAGCAATTTTAAACAGTGTA AAAAATACCACC
CACCATTAGGCATAAGGTGGGGTTTATGTCATTACATTTATTGTAACCATTACACCTGTATATATGTATA
TGTGTACATAACATACGTGTATGGAGGTAGTGCCTGTACAAATTGCTGCAGCAACAACCTACAACATTGAT
ATTGCCTGTTGTTATTGCATTTGCAGTATGTATTCTTAGTATTGTACTTATAATATTAATATCTGATTTT
GTAGTATATACATCTGTGCTGGTACTAACACTTCTTTTATATTTGCTTTTGTGGCTTTTATTAAACAACCC
CTTTGCAATTCTTTTTTACTAACACTGTGTGTGTGCTATTTTCTGCTTTTATATACACATATACATTGT
GCAACGCAACAATAATGGTGATGTAACTGTCACTTAAATGATGGTGATACATGGTTGTTTCTGTGGT
TGTTTACTGCATTTGTTGTAGCTGTACTTGGATTGTTGTTACTACATTACAGGGCTGTACATGGTACTGA
AAAACTAAATGTGCTAAGTGTAATCAAACCGCAATACTACTGTGGATTATGTGTATATGTCACATGGT
GATAATGGAGATTATGTGTACATGAACTAGAGTAAACCTTTTTTATACAGTGTGTGGTGTACGTTAGTTA
TATATAATGAAACCTAGGGCACGCAGACGTAAACGTGCGTCAGCCACACAACCTATATCAAACATGCAAGG
CCACTGGTACATGTCCCCAGATGTAATTCCTAAAGTTGAACATACTACTATTGCAGATCAAATATTTAAA
ATGGGGAAGCTTAGGGGTTTTTTTTTGGTGGGTTAGGTATTGGTACAGGGGCTGGTAGTGGCGGTGCTGCA
GGGTATATACCCCTGGGAAGCTCTCCCAAGCCTGCTATTACTGGGGGGCCAGCAGCACGTCCGCCAGTGC
TTGTGGAGCCTGTTGCCCTTCCGATCCCTCCATTGTGTCTTAATTGAGGAGTCTGCTATTATTAATGC
TGGTGCACCTGAGGTGGTACCCCTACACAGGGTGGCTTTACTATAACATCATCTGAATCGACTACACCT
GCTATTTTAGATGTGTCTGTTACCAATCACACTACCCTAGTGTGTTTCAAAATCCCCTGTTTACAGAAC
CGTCTGTAATACAGCCCCAACACCTGTGGAGGCCAGTGGTCACATACTTATATCTGCCCCAACATAAC
ATCCCAACATGTAGAAGACATTCCACTAGACACTTTTGTGTATCCTCTAGTGATAGTGGACCTACATCC
AGTACTCCTCTTCCCTCGTGCTTTTCTCGGCCCTCGGGTGGGTTTGTATAGTCGTGCCCTTACAGCAGGTAC
AGGTTACGGACCCCGGCTTTTGTCCACGCCACAGCGATTGGTAACCTTATGACAACCCTGTCTATGAAGG
AGAAGATGTAAGTTTACAATTTACCCATGAGTCTATCCACAATGCACCTGATGAAGCATTTATGGATATT
ATTAGACTACATAGACCAGCTATAACGTCACAGCGGGTCTTGTGCGTTTATAGTCGCATTGGGCAACGGG
GGTCCATGTACACACGCAGTGGACAACATATAGGTGCCCGCATACATTATTTTCAGGACATTTACACAGT
TACACAAGCTGCAGAGGAAATAGAAGTGCACCCTCTAGTGGCTGCAGAAAAATGACACGTTTGATATTTAT
GCTGAACCATTTGACCCTATCCCTGACCCTGTCCAACATTCTGTTACACAGTCTTATCTTACCTCCACAC
CTAATACCCCTTTCACAATCGTGGGGTAATACCACAGTCCCATTTGTCAATCCCTAGTGACTGGTTTGTGCA
GTCTGGGCTGACATAACTTTTCTACTGCATCTATGGGAACACCCTTTAGTCCTGTAACCTCCTGCTTTA

CCTACAGGCCCTGTTTTTATTACAGGTTCTGACTTCTATTTGCATCCTACATGGTACTTTGCACGCAGAC
GCCGTAAACGTATTCCTTATTTTTTACAGATGTGGCGGCCTAGCGACAGCACAGTATATGTGCCTCCTC
CCAACCTGTATCCAAGGTTGTTGCCACGGATGCGTATGTTAAACGCACCAACATATTTTATCATGCCAG
CAGTTCTAGACTCCTTGCTGTGGGACATCCATATTACTCTATCAAAAAAGTTAACAAAACAGTTGTACCA
AAGGTGTCTGGATATCAATATAGAGTGTTTAAGGTAGTGTTGCCAGATCCTAACAAGTTTGCATTACCTG
ATTCATCCCTGTTTGACCCCACTACACAGCGTTTAGTATGGGCGTGCACAGGGTTGGAGGTAGGCAGGGG
TCAACCTTTAGGCGTTGGTGTTAGTGGGCATCCATTGCTAAACAAATATGATGATGTAGAAAATAGTGGT
GGGTATGGTGGTAATCCTGGTCAGGATAATAGGGTTAATGTAGGTATGGATTATAAACAAACCCAGCTAT
GTATGGTGGGCTGTGCTCCACCGTTAGGTGAACATTGGGGTAAGGGTACACAATGTTCAAATACCTCTGT
ACAAAATGGTGACTGCCCCCCGTTGGAAC TTATTACCAGTGTTATACAGGATGGGGACATGGTTGATACA
GGCTTTGGTGCTATGAATTTTGCAAGTTTACAAACCAATAAATCGGATGTTCCCTTGATATTTGTGGAA
CTGTCTGCAAAATCCTGATTATTTGCAAAATGGCTGCAGACCCTTATGGTGATAGGTTGTTTTTTTATTT
GCGAAAGGAACAAATGTTTGCTAGACACTTTTTTAATAGGGCCGGTACTGTGGGGGAACCTGTGCCTGAT
GACCTGTTGGTAAAAGGGGTAATAACAGATCATCTGTAGCTAGTAGTATTTATGTACATACACCTAGTG
GCTCATTGGTGCTTCAGAGGCTCAATTATTTAATAAACCATATTGGCTTCAAAGGCTCAGGGACATAA
CAATGGTATTTGCTGGGGAAACCACTTGTGTGTTACTGTGGTAGATACCACACGCAGTACAAATATGACA
CTATGTGCATCTGTGTCTAAATCTGCTACATACTAATTACAGATTATAAGGAATACATGCGCCATGTGG
AGGAGTTTGATTTACAGTTTATTTTTCAATTGTGTAGCATTACATTATCTGCAGAAGTCATGGCCTATAT
ACACACAATGAATCCTTCTGTTTTGGAGGACTGGAAC TTTGGTTTATCGCCTCCACCAAATGGTACACTG
GAGGATACTTATAGATATGTACAGTCACAGGCCATTACCTGTCAGAAACCCACACCTGAAAAAGAAAAAC
AGGATCCCTATAAGGATATGAGTTTTTGGGAGGTTAACTTAAAAGAAAAGTTTTCAAGTGAATTAGATCA
GTTTCCCTTGGACGTAAGTTTTTATTGCAAAGTGATATCGAGGACGGACGTCTGCTCGTACAGGTATA
AAGCGCCAGCTGTGTCTAAGCCCTCTACAGCCCCAAACGAAAACGTACCAAACCAAAAAGTAATATA
TGTGTGTCAGTGTTGTGTTATTTATATGTTGTTGTAGTGTTATATGTTTCTTGATTGTGTATATGT
GTATATGTTTGTGTATATGTGTATGTTATGTATGTTATGTTGTTATGTATGTTTGTGTGTTTAGTGTGTG
TATATATTTGTGGAATGTGTATGTATGTTTTTGTGCAATAAACAATTATTATGTGTGTCCTGTTACACCC
AGTGACTAAGTTGTGTTTTGCACGCGCCGTTTGTGTTGCCTTCATATTATATTATATATATTTGTAATAT
ACCTATACTATGTTACCCCCCCCCACTTGCAACCGTTTTCGGTTGCCCTTACATACACTTACCTCAAATT
TGTTATAACGTGTTTTGTACTAATCCCATATGTTGTGTGCCAAGGTACATATTGCCCTGCCAAGTATCTT
GCCAACAACACACCTGGCCAGGGCGCGGTATTGCATGACTAATGTACAATAAACCTGTCGGTTTTGTACAA
TGTTGTGGATTGCAGCCAAAGGTTAAAAGCATTTTTGGCTTCTAGCTGAACATTTTTGTACCCTTAGTAT
ATTATGCACAATACCCACAAAATGAGTAACCTAAGGTCACACACCTGCAACCGGTTTCGGTTACCCACAC
CCTACATATTCCTTCTTATA

>HPV8_Beta_333074_nt557_E6_AOS|1
TCATAGAGAAATTAGATTGCTGTGGGAGAGGCCGTCCCTTTTCATAAAGTTAGAGGAGGCT
>HPV8_Beta_333074_nt549_E6_AOS|1
TTTGGATATCATAGAGAAATTAGATTGCTGTGGGAGAGGCCGTCCCTTTTCATAAAGTTAG
>HPV8_Beta_333074_nt536_E6_AOS|1
ACTGCTTGTCATTTTTTGGATATCATAGAGAAATTAGATTGCTGTGGGAGAGGCCGTCCCT
>HPV8_Beta_333074_nt529_E6_AOS|1
TGTCAAAACCTGCTTGTCATTTTTTGGATATCATAGAGAAATTAGATTGCTGTGGGAGAGGC
>HPV8_Beta_333074_nt355_E6_AOS|1
TTTGACAAAAAGAGACTGTGCCTAATTTGGAAAAATTACGTTGTTACTGCGTGTTGTCGT
>HPV8_Beta_333074_nt348_E6_AOS|1
GTGTGAGTTTGACAAAAAGAGACTGTGCCTAATTTGGAAAAATTACGTTGTTACTGCGTG
>HPV51_Alpha_333087_nt490_E6_AOS|1
TGGACGGGGCAATGCGCTAATTGCTGGCAACGTACACGACAACGTAACGAAACCCAAGTG
>HPV51_Alpha_333087_nt149_E6_AOS|1
CTTTGAACGTTTCTATGCACAATATACAGGTAGTGTGTGTGTATTGTAAAAAGGAATTAT
>HPV20_Beta_1020162_nt210_E6_AOS|1
CTCCTTCTTCAGAAGACAGCGCTGATGAAGGACCATCTAATATTGGAGAGGCAAAACCTC
>HPV20_Beta_1020162_nt296_E6_AOS|1
ACAATCTGTGGCCTAGCAAACTTTTAGAAAATACCGCTAGATGATTGTTTGATACCTTGT
>HPV20_Beta_1020162_nt289_E6_AOS|1
GCCTGCAACAATCTGTGGCCTAGCAAACTTTTAGAAAATACCGCTAGATGATTGTTTGAT
>HPV20_Beta_1020162_nt203_E6_AOS|1
GCTACACCTCCTTCTTCAGAAGACAGCGCTGATGAAGGACCATCTAATATTGGAGAGGCA
>HPV21_Beta_1020170_nt284_E6_AOS|1
TTAGAGCCACCATTACCAGCTACAATTCGTGACCTAGCCAATCTGTTAGAGATAACCATTG
>HPV21_Beta_1020170_nt277_E6_AOS|1
TAGCTTTTTAGAGCCACCATTACCAGCTACAATTCGTGACCTAGCCAATCTGTTAGAGAT
>HPV22_Beta_1020178_nt480_E6_AOS|1
AGCAAGAAGAACAACGACCTGTAGGCCAAATTTATATGAGATGTCAATATTGCTTGAAGT
>HPV22_Beta_1020178_nt302_E6_AOS|1
AGATTCTGCAGTAGGTTTTTAACCTATTTGGAATTGCGGCAATTTGATTATAAGAATTTG
>HPV22_Beta_1020178_nt286_E6_AOS|1
TCTTTTGCTACCTTGTAGATTCTGCAGTAGGTTTTTAACCTATTTGGAATTGCGGCAATT
>HPV22_Beta_1020178_nt277_E6_AOS|1
TGTAGTAGATCTTTTGCTACCTTGATAGATTCTGCAGTAGGTTTTTAACCTATTTGGAATT
>HPV23_Beta_1020186_nt463_E6_AOS|1
AATTCAACAATTTTATCAGCTAACTGTGTATGGTCGTGAAATTGAGCAGGAGGAGCAACG
>HPV23_Beta_1020186_nt444_E6_AOS|1
ATGCTTCTGCTCAATTTGAAATTCAACAATTTTATCAGCTAACTGTGTATGGTCGTGAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt346_E6_AOS|1
TCTTACCTATTTAGAGTTGCGAGAATTTGATTATAAACATTTGCAGTTAATCTGGACAGA
>HPV23_Beta_1020186_nt339_E6_AOS|1
CTAGGTTTCTTACCTATTTAGAGTTGCGAGAATTTGATTATAAACATTTGCAGTTAATCT
>HPV23_Beta_1020186_nt332_E6_AOS|1
TTTTGTTCTAGGTTTCTTACCTATTTAGAGTTGCGAGAATTTGATTATAAACATTTGCAG
>HPV28_Alpha_1020202_nt153_E6_AOS|1
ATATCATTTGATGACCTCCGTTTGCACCTGCATATTCTGCGCCAAAGTGCTGACCACAGCG
>HPV28_Alpha_1020202_nt190_E6_AOS|1
GCGCCAAAGTGCTGACCACAGCGGAGCTATCAGCATTTGCATTAAAGAGAACTAAATGTGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt172_E6_AOS|1
GTTTGCACCTGCATATTCTGCGCCAAAGTGCTGACCACAGCGGAGCTATCAGCATTTGCAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt165_E6_AOS|1
GACCTCCGTTTGCACCTGCATATTCTGCGCCAAAGTGCTGACCACAGCGGAGCTATCAGCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt144_E6_AOS|1

GACAGTGGAAATATCATTTTGATGACCTCCGTTTGCACCTGCATATTCTGCGCCAAAGTGCTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt158_E6_AOS|1
AGTACCATTGAGGACCTTCGCCTACAGTGTTTCTGCACGAAAGAGCTAACCAGCCC
>HPV29_Alpha_1020210_nt280_E6_AOS|1
GTGCATGTGCACGCTGCTTATTGTTTGAAGGCATAAAGCGGCGCCTAAAATACTGGCAGT
>HPV29_Alpha_1020210_nt261_E6_AOS|1
AAAAGTGGAGCTCCGTACGGTGCATGTGCACGCTGCTTATTGTTTGAAGGCATAAAGCGG
>HPV29_Alpha_1020210_nt191_E6_AOS|1
TTTCTGCACGAAAGAGCTAACCAGCCCAGAACTGGCAGCATTTTGCATTTCGGGAATTAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt184_E6_AOS|1
AGTGTGTTTTCTGCACGAAAGAGCTAACCAGCCCAGAACTGGCAGCATTTTGCATTTCGGG
>HPV36_Beta_1020218_nt480_E6_AOS|1
TATTAGGAAGAGATATTGAATTGGCTGCAGGTCGCTCCATATTTGAAATTGACATTAGGT
>HPV36_Beta_1020218_nt207_E6_AOS|1
AGCAAGCCTCCGAACAGCAGAATATTACAGAAAAAGAAAAAGAACAGCTGCCTTTAACTA
>HPV36_Beta_1020218_nt200_E6_AOS|1
ATGGCAGAGCAAGCCTCCGAACAGCAGAATATTACAGAAAAAGAAAAAGAACAGCTGCCT
>HPV37_Beta_1020226_nt308_E6_AOS|1
ATAGAATTGATCGCATTTGATCGAAAAGGTCTTCAACTAATTTGGACCGAAGAAGATTTA
>HPV37_Beta_1020226_nt301_E6_AOS|2
AGCATATATAGAATTGATCGCATTTGATCGAAAAGGTCTTCAACTAATTTGGACCGAAGA
>HPV38_Beta_1020234_nt441_E6_AOS|1
TCTTTGGCCGTGAAATTGAACAGGTGGAGCAACAGACAATAGGCCTTATTGTTATAAGGT
>HPV38_Beta_1020234_nt434_E6_AOS|1
TTAACTGTCTTTGGCCGTGAAATTGAACAGGTGGAGCAACAGACAATAGGCCTTATTGTT
>HPV38_Beta_1020234_nt423_E6_AOS|1
AGTTTTATGAATTAAGTGTCTTTGGCCGTGAAATTGAACAGGTGGAGCAACAGACAATAG
>HPV38_Beta_1020234_nt228_E6_AOS|1
AGCAGCTCAGTGATAAGTTAACAGTTCCTGTAGAGGATCTGTTATTACCCTGTAGATTCT
>HPV44_Alpha_1020242_nt363_E6_AOS|1
GTAACAGTGGAAGAAGAAACAAATAAGTCAATTCTGGACGTGCTGATACGCTGCTATTTG
>HPV44_Alpha_1020242_nt378_E6_AOS|1
GAAACAAATAAGTCAATTCTGGACGTGCTGATACGCTGCTATTTGTGCCACAAACCATTG
>HPV44_Alpha_1020242_nt371_E6_AOS|1
GGAAGAAGAAACAAATAAGTCAATTCTGGACGTGCTGATACGCTGCTATTTGTGCCACAA
>HPV44_Alpha_1020242_nt356_E6_AOS|1
ATATGCAGTAACAGTGGAAGAAGAAACAAATAAGTCAATTCTGGACGTGCTGATACGCTG
>HPV44_Alpha_1020242_nt338_E6_AOS|1
GCATTTTAACTACGCGGATATGCAGTAACAGTGGAAGAAGAAACAAATAAGTCAATTCT
>HPV55_Alpha_1020266_nt376_E6_AOS|1
AGACAAAGCAGTCAATTTTGGACGTGTTACATACGCTGTTATTTGTGCCACAAACCATTGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt229_E6_AOS|1
TAGAGCTATATAGGTTTGCATGTATTGAGTTAAACTAGTATATAGAAACAATTGGCCAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt222_E6_AOS|1
ACAAGTTTAGAGCTATATAGGTTTGCATGTATTGAGTTAAACTAGTATATAGAAACAAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt215_E6_AOS|1
GGAAGTTACAAGTTTAGAGCTATATAGGTTTGCATGTATTGAGTTAAACTAGTATATAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt208_E6_AOS|1
GCAAAAAGGAACCTTACAAGTTTAGAGCTATATAGGTTTGCATGTATTGAGTTAAACTAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt330_E6_AOS|1
TAAGGGAACCTACGGCATTATTCGAACTCGGTGTATGCAACAACCTTTGGAAAGCATAACTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt342_E6_AOS|1
GGCATTATTCGAACTCGGTGTATGCAACAACCTTTGGAAAGCATAACTAATACCAAGTTAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt263_E6_AOS|1
TTTATAGTATATAGAAACGGGAGCCATATGCTGCATGCCAAAAATGTATTAAATTTTCAT

>HPV70_Alpha_1173493_nt174_E6_AOS|1
CTACATTGCACGACATTACAATAGACTGTGTCTATTGTAAAACACAGCTACAGCAAACAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt93_E6_AOS|1
TATAAAGCAATGCTTGGTTCAGCAGATTTAGCTATGTCCAGCGGGGACGCATACCCACAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt86_E6_AOS|1
GTGCATATATAAAGCAATGCTTGGTTCAGCAGATTTAGCTATGTCCAGCGGGGACGCATA
>HPV84_Alpha_12958167_nt141_E6_AOS|2
GGAATTACTAATTGTTTGGAGGTATAATTTCCCTCATGGGGTGTGCATGAAATGCTTATG
>HPV84_Alpha_12958167_nt151_E6_AOS|1
ATTGTTTGGAGGTATAATTTCCCTCATGGGGTGTGCATGAAATGCTTATGCAGGGAAGCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt134_E6_AOS|1
CAGTAAAGGAATTACTAATTGTTTGGAGGTATAATTTCCCTCATGGGGTGTGCATGAAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt531_E6_AOS|1
AGGTAAGCAGATTGAGGAGATCACTCAGCAAAGTATTGGATTTATTAATATTAGATGTGT
>HPV107_Beta_126131393_nt421_E6_AOS|2
AAAAATTTACAATTAATTTGGCATGAAAATTTAGTATATGGTTGTTGTTGCAGCTGTGCT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt253_E6_AOS|1
TGCTGGTGTGGAGATTTGGATTTCCCTTATGGAGTGTGCCTACAATGCCTATTCAGAGAAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt420_E6_AOS|1
TGCAAACCATGTGCTGGCCCGAGAAGGACATATGATACACGCGAATCTGCACTTCCAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt246_E6_AOS|1
GAATTATTGCTGGTGTGGAGATTTGGATTTCCCTTATGGAGTGTGCCTACAATGCCTATTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt239_E6_AOS|1
ATTAAGGGAATTATTGCTGGTGTGGAGATTTGGATTTCCCTTATGGAGTGTGCCTACAATG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt124_E6_AOS|1
CACCTACCAATATCTTTTTGCTATGTCAGGAATATGAGGTGGACTTTGACAACTTAAGGC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt92_E6_AOS|1
CAACGGGACAGTCATGCCCAACGGACGCTACACACCTACCAATATCTTTTGCTATGTCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt438_E6_AOS|1
GAAAAGGAATATCAGGTGCAGACAGGAATCCACTTCCACAAGATAAGCGGACTGTGGACG
>HPV72_Alpha_1491683_nt431_E6_AOS|1
CTGTCAGGAAAAGGAATATCAGGTGCAGACAGGAATCCACTTCCACAAGATAAGCGGACT
>HPV72_Alpha_1491683_nt424_E6_AOS|1
CCCTAAGCTGTCAGGAAAAGGAATATCAGGTGCAGACAGGAATCCACTTCCACAAGATAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt416_E6_AOS|1
CTGCAAACCCCTAAGCTGTCAGGAAAAGGAATATCAGGTGCAGACAGGAATCCACTTCCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt324_E6_AOS|1
CTACGATACTGGACGTATTCGGGCTACGGACCCACTGTGGAACAGGAAACAGGCAAATCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt137_E6_AOS|1
GTTGCTGTGCAAGGAAATTGAGGTGGACCTAGAAGATTTACGGATTACCTGCATATTTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt143_E6_AOS|1
AGCGTTATGTGACGAAGTGAATATTTCTATACATGATATAAACCTGGACTGTGTGTTTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt325_E6_AOS|1
GAGAGTATAGGCGATATAGACAATCAGTATATGGCACTACGTTAGAAAAATTTAACTAACA
>HPV73_Alpha_1491692_nt316_E6_AOS|1
CTAAAATTAGAGAGTATAGGCGATATAGACAATCAGTATATGGCACTACGTTAGAAAATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt136_E6_AOS|1
AGCTACAAGCGTTATGTGACGAAGTGAATATTTCTATACATGATATAAACCTGGACTGTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt129_E6_AOS|1
CCATACAAGCTACAAGCGTTATGTGACGAAGTGAATATTTCTATACATGATATAAACCTG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt149_E6_AOS|1
TACTGGTCTGGAAACACGGATTTCCCTCATGGCGTGTGCCTAAAATGCATATGCAGAGAAG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt142_E6_AOS|1
GAATTATTACTGGTCTGGAAACACGGATTTCCCTCATGGCGTGTGCCTAAAATGCATATGC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt135_E6_AOS|1

ACTAAAGGAATTATTACTGGTCTGGAAACACGGATTTCCCTCATGGCGTGTGCCTAAAATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt342_E6_AOS|1
AGGATTTCCCTAAGAAAGAATCTAGCTGATGTGGTATGCCGATGCTATGAATGTATGTCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt353_E6_AOS|1
AGAAAGAATCTAGCTGATGTGGTATGCCGATGCTATGAATGTATGTCATTGCTTGATTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt287_E6_AOS|1
GCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTTACCGCTGCTCTGTAAAGGGAATTCATTTTGAGGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt280_E6_AOS|1
GCTTTCTGCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTTACCGCTGCTCTGTAAAGGGAATTCATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt273_E6_AOS|1
GTTCTAGGCTTTCTGCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTTACCGCTGCTCTGTAAAGGGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt266_E6_AOS|1
GTCCCTTGTTCTAGGCTTTCTGCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTTACCGCTGCTCTGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt259_E6_AOS|1
GTGTTGTGTCCCTTGTTCTAGGCTTTCTGCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTTACCGCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt252_E6_AOS|1
GTTTTGCGTGTTGTGTCCCTTGTTCTAGGCTTTCTGCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt106_E6_AOS|1
ACGGCTAGATGACTTCTGTTTCGATTTTAATATTTCTCTTTTGATGTGCATCTTCCTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt93_E6_AOS|1
CTTATCTACCAAACCGCTAGATGACTTCTGTTTCGATTTTAAATATTTCTCTTTTGATG
>HPV110_Beta_186461194_nt239_E6_AOS|1
TATTAATACCGTGTAGATTTTGTACTAGGTTTTATCATATATAGAATTATTAGGTTTTG
>HPV110_Beta_186461194_nt225_E6_AOS|1
TCCTGTTTTAGACATATTAATACCGTGTAGATTTTGTACTAGGTTTTATCATATATAGA
>HPV110_Beta_186461194_nt218_E6_AOS|1
TATGCATTCCGTGTTTTAGACATATTAATACCGTGTAGATTTTGTACTAGGTTTTATCAT
>HPV110_Beta_186461194_nt208_E6_AOS|1
GCAGATACATTATGCATTCCTGTTTTAGACATATTAATACCGTGTAGATTTTGTACTAGG
>HPV111_Beta_186461202_nt463_E6_AOS|1
ATTGTTTGAAAAAATTGGATCTGGTAGAGAAGCTAGGAGTGTGCTACAAACAACAATATT
>HPV111_Beta_186461202_nt470_E6_AOS|1
GAAAAAATTGGATCTGGTAGAGAAGCTAGGAGTGTGCTACAAACAACAATATTTTCATAG
>HPV111_Beta_186461202_nt379_E6_AOS|1
AATATTTTGAATACTCTGTTGTAGGAAAACAGATAGAACTGTAGCAAACCAGCCTATTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt411_E6_AOS|1
GAGCAGGTGACTCAACAGTCTGTAGGCTTTATTACTATCAGATGCATTTATTGTTTAAAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt426_E6_AOS|1
CAGTCTGTAGGCTTTATTACTATCAGATGCATTTATTGTTTAAAGCATCTAGACCTTTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt419_E6_AOS|1
GACTCAACAGTCTGTAGGCTTTATTACTATCAGATGCATTTATTGTTTAAAGCATCTAGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt81_E6_AOS|1
CAATTATTATGCTTGTACTAAAGGGAGTAACCGAAAACGGTCCGACCGAAAGCGGTACAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt94_E6_AOS|1
TGTACTAAAGGGAGTAACCGAAAACGGTCCGACCGAAAGCGGTACATATATAAACCACCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt74_E6_AOS|1
TTAGTAACAATTATTATGCTTGTACTAAAGGGAGTAACCGAAAACGGTCCGACCGAAAGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt52_E6_AOS|1
CACCTTACATTCTTTGTGGTTATTAGTAACAATTATTATGCTTGTACTAAAGGGAGTAAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt45_E6_AOS|1
CGCTGCACACCTTACATTCTTTGTGGTTATTAGTAACAATTATTATGCTTGTACTAAAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt38_E6_AOS|1
AACCGGTCGCTGCACACCTTACATTCTTTGTGGTTATTAGTAACAATTATTATGCTTGTGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt31_E6_AOS|1
AGACCGAAACCGGTCGCTGCACACCTTACATTCTTTGTGGTTATTAGTAACAATTATTAT

>HPV91_Alpha_22023568_nt24_E6_AOS|1
CACCTGCAGACCGAAACCGGTCGCTGCACACCTTACATTCTTTGTGGTTATTAGTAACAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt17_E6_AOS|1
TTAGGCACACCTGCAGACCGAAACCGGTCGCTGCACACCTTACATTCTTTGTGGTTATTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt10_E6_AOS|1
TACTGTGTTAGGCACACCTGCAGACCGAAACCGGTCGCTGCACACCTTACATTCTTTGTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt66_E6_AOS|1
GGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGGAGCTTACAACATCAGAAGTGCTGTC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt59_E6_AOS|1
ATTTAGAGGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGGAGCTTACAACATCAGAAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt52_E6_AOS|1
GACGTGGATTTAGAGGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGGAGCTTACAACA
>HPV90_Alpha_22138122_nt242_E6_AOS|1
CTAGCTATGCACCCACAGTGAATATGAAACAGGAGTGCCTATTTTAGAATTGCTTATTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt267_E6_AOS|1
TGAAACAGGAGTGCCTATTTTAGAATTGCTTATTAGATGCTACCTGTGCCATAAACCACT
>HPV90_Alpha_22138122_nt235_E6_AOS|1
CAGTATTCTAGCTATGCACCCACAGTGAATATGAAACAGGAGTGCCTATTTTAGAATTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt183_E6_AOS|1
ATGTCCTGCGTGTCTGGAAGCAGCCGGGAAACTAAGGCAATTTAGATACTGGCAGTATTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt167_E6_AOS|1
ATTTTCCATTTGCAGCATGTCTGCGTGTCTGGAAGCAGCCGGGAAACTAAGGCAATTTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt160_E6_AOS|1
AGAAAGCATTTTCCATTTGCAGCATGTCTGCGTGTCTGGAAGCAGCCGGGAAACTAAGG
>HPV58_Alpha_222386_nt279_E6_AOS|1
GAAATCCATTTGCAGTATGTAAAGTGTGCTTACGATTGCTATCTAAAATAAGTGAGTATA
>HPV58_Alpha_222386_nt272_E6_AOS|1
AGAGATGGAAATCCATTTGCAGTATGTAAAGTGTGCTTACGATTGCTATCTAAAATAAGT
>HPV58_Alpha_222386_nt265_E6_AOS|1
AGTGTATAGAGATGGAAATCCATTTGCAGTATGTAAAGTGTGCTTACGATTGCTATCTAA
>HPV58_Alpha_222386_nt175_E6_AOS|1
TGTGCATGAAATCGAATTGAAATGCGTTGAATGCAAAAAGACTTTGCAGCGATCTGAGGT
>HPV58_Alpha_222386_nt168_E6_AOS|1
AGACATCTGTGCATGAAATCGAATTGAAATGCGTTGAATGCAAAAAGACTTTGCAGCGAT
>HPV58_Alpha_222386_nt161_E6_AOS|1
GCGTTGGAGACATCTGTGCATGAAATCGAATTGAAATGCGTTGAATGCAAAAAGACTTTG
>HPV58_Alpha_222386_nt154_E6_AOS|1
GTGTCAGGCGTTGGAGACATCTGTGCATGAAATCGAATTGAAATGCGTTGAATGCAAAAA
>HPV58_Alpha_222386_nt147_E6_AOS|1
ATGATTTGTGTCAGGCGTTGGAGACATCTGTGCATGAAATCGAATTGAAATGCGTTGAAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt350_E6_AOS|2
TACGGCACATTTTGGAAAAGGCAAGATTTATTAACTAGGCGACACCTGGAAAGGGCGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt349_E6_AOS|1
GATGCTATAGAAAGGGACTCAGGTAGTCTTTTGTGTTGTTTAACTGTTAGATGTAAGTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt342_E6_AOS|1
AGGAAAGGATGCTATAGAAAGGGACTCAGGTAGTCTTTTGTGTTGTTTAACTGTTAGATG
>HPV92_Beta_27531786_nt112_E6_AOS|1
AAACCTCCTTCGGTGCAGGAAGTTAGAAGACAGTTAGATATTCCATTGGAGGACATTTTA
>HPV75_Beta_2911544_nt470_E6_AOS|1
ATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTGTCTGAAACGTTTGGATATATTTGAAAAA
>HPV75_Beta_2911544_nt463_E6_AOS|1
AGAAAGTATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTGTCTGAAACGTTTGGATATATT
>HPV75_Beta_2911544_nt456_E6_AOS|1
GAGCAGCAGAAAGTATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTGTCTGAAACGTTTGG
>HPV75_Beta_2911544_nt449_E6_AOS|1

GAAGGCAGAGCAGCAGAAAGTATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTTGTCTGAAA
>HPV75_Beta_2911544_nt441_E6_AOS|1
TAGAAATAGAAGGCAGAGCAGCAGAAAGTATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTT
>HPV76_Beta_2911551_nt474_E6_AOS|1
CGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTGTGAAACGCCTGGATTTATTTGAAAACTTG
>HPV76_Beta_2911551_nt467_E6_AOS|1
AATATAGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTGTGAAACGCCTGGATTTATTTGAA
>HPV76_Beta_2911551_nt460_E6_AOS|1
TGCAGAAAAATATAGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTGTGAAACGCCTGGATTT
>HPV76_Beta_2911551_nt453_E6_AOS|1
GCAGAGCTGCAGAAAAATATAGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTGTGAAACGCC
>HPV76_Beta_2911551_nt446_E6_AOS|1
ATAGAAGGCAGAGCTGCAGAAAAATATAGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTGTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt161_E6_AOS|1
ACCGTTTCGACGACCTTCGCCTACTGTGTGTGTTCTGCACAAAAGAATTA ACTACTGCTGA
>HPV77_Alpha_2911558_nt300_E6_AOS|1
CTGCTATATGGCATTGAGCGGCGCCTGAAACACTGGGAGTATTCATACTACGTGGACGGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt293_E6_AOS|1
GTGTTTACTGCTATATGGCATTGAGCGGCGCCTGAAACACTGGGAGTATTCATACTACGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt198_E6_AOS|1
ACAAAAGAATTA ACTACTGCTGAACTGGCAGCATTTACAATTAGAGAATTAAATGTGGTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt191_E6_AOS|1
GTTCTGCACAAAAGAATTA ACTACTGCTGAACTGGCAGCATTTACAATTAGAGAATTAAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt184_E6_AOS|1
TGTGTGTGTTCTGCACAAAAGAATTA ACTACTGCTGAACTGGCAGCATTTACAATTAGAG
>HPV77_Alpha_2911558_nt154_E6_AOS|1
GTGGAATACCGTTTCGACGACCTTCGCCTACTGTGTGTGTTCTGCACAAAAGAATTA ACTA
>HPV80_Beta_2911565_nt422_E6_AOS|1
ACATTTTATGAACAGTCAGTGTGTGGTTGGGAGATTGAGGTAGTTGAGCGAAAAGCTGTT
>HPV80_Beta_2911565_nt318_E6_AOS|1
TAAGTTTTTGATCGCAAATGTTTGCAGTTGATTTGGACTGAAGAAGACTTTGTCTTTGCTT
>HPV80_Beta_2911565_nt311_E6_AOS|1
GAGTTAGTAAGTTTTTGATCGCAAATGTTTGCAGTTGATTTGGACTGAAGAAGACTTTGTC
>HPV80_Beta_2911565_nt303_E6_AOS|1
CTTATATAGAGTTAGTAAGTTTTTGATCGCAAATGTTTGCAGTTGATTTGGACTGAAGAAG
>HPV80_Beta_2911565_nt291_E6_AOS|1
AAAGATTTTTTA ACTTATATAGAGTTAGTAAGTTTTTGATCGCAAATGTTTGCAGTTGATTT
>HPV80_Beta_2911565_nt282_E6_AOS|1
GGTTTTGTCAAAGATTTTTTA ACTTATATAGAGTTAGTAAGTTTTTGATCGCAAATGTTTGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt530_E6_AOS|1
ATTGAAAATCAGGTGTCAGACTTGCTTATCATTTTTTGAGCACCATTGAAAAATTAGATAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt435_E6_AOS|1
TGTGTAGCTACTGCAACTTTCGAATTC AATGAATATTACCAGCAAACAGTTTTAGGTAGA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt428_E6_AOS|1
AAGTTGTTGTGTAGCTACTGCAACTTTCGAATTC AATGAATATTACCAGCAAACAGTTTT
>HPV65_Gamma_312100_nt417_E6_AOS|1
CTACTAGACATTGTTGAGAAATTAGACTTGCTGTACTCTGACCAGGCCTGCTACTTAATA
>HPV65_Gamma_312100_nt410_E6_AOS|1
TTTGAGACTACTAGACATTGTTGAGAAATTAGACTTGCTGTACTCTGACCAGGCCTGCTA
>HPV65_Gamma_312100_nt403_E6_AOS|1
TATGTTGTTT GAGACTACTAGACATTGTTGAGAAATTAGACTTGCTGTACTCTGACCAGG
>HPV65_Gamma_312100_nt396_E6_AOS|1
AGATGTATATGTTGTTT GAGACTACTAGACATTGTTGAGAAATTAGACTTGCTGTACTCT
>HPV65_Gamma_312100_nt389_E6_AOS|1
TTGCATCAGATGTATATGTTGTTT GAGACTACTAGACATTGTTGAGAAATTAGACTTGCT

>HPV65_Gamma_312100_nt382_E6_AOS|1
AGGAGATTTGCATCAGATGTATATGTTGTTGAGACTACTAGACATTGTTGAGAAATTAG
>HPV65_Gamma_312100_nt375_E6_AOS|1
AAAATTAAGGAGATTTGCATCAGATGTATATGTTGTTTGGAGACTACTAGACATTGTTGAG
>HPV65_Gamma_312100_nt368_E6_AOS|1
TCAAAGGAAAAATTAAGGAGATTTGCATCAGATGTATATGTTGTTTGGAGACTACTAGACAT
>HPV11_Alpha_333026_nt452_E6_AOS|1
AAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAAACTAAATAACCAGTGGAAGGGTCGTTG
>HPV11_Alpha_333026_nt445_E6_AOS|1
AAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAAACTAAATAACCAGTGGAAGG
>HPV11_Alpha_333026_nt438_E6_AOS|1
GAAATAGAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAAACTAAATAACCAG
>HPV11_Alpha_333026_nt431_E6_AOS|1
GTTGTGTGAAATAGAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAAACTAAA
>HPV11_Alpha_333026_nt373_E6_AOS|1
AAGAAACCAATGAAGATATTTTAAAGTGTTAATTCGTTGTTACCTGTGTCACAAGCCGT
>HPV11_Alpha_333026_nt295_E6_AOS|1
CCTGTTGCTTAGAACTGCAAGGGAAAATTAACCAATATAGACACTTTAATTATGCTGCAT
>HPV31_Alpha_333048_nt146_E6_AOS|1
TGAACCTAAGCTCGGCATTGGAAATACCCCTACGATGAACCTAAGATTGAATTGTGTCTACTG
>HPV31_Alpha_333048_nt267_E6_AOS|1
TATAGGGACGACACACCACACGAGTGTTGTACAAAATGTTTAAGATTTTATTCAAAAAGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt139_E6_AOS|1
AATTGCATGAACTAAGCTCGGCATTGGAAATACCCCTACGATGAACCTAAGATTGAATTGTG
>HPV31_Alpha_333048_nt132_E6_AOS|1
CCTCGGAAATTCATGAACTAAGCTCGGCATTGGAAATACCCCTACGATGAACCTAAGATTG
>HPV31_Alpha_333048_nt125_E6_AOS|1
AGAAAGACCTCGGAAATTCATGAACTAAGCTCGGCATTGGAAATACCCCTACGATGAACCT
>HPV31_Alpha_333048_nt118_E6_AOS|1
ATCCTGCAGAAAGACCTCGGAAATTCATGAACTAAGCTCGGCATTGGAAATACCCCTACG
>HPV31_Alpha_333048_nt111_E6_AOS|1
TTCAAAAATCCTGCAGAAAGACCTCGGAAATTCATGAACTAAGCTCGGCATTGGAAATA
>HPV33_Alpha_333049_nt300_E6_AOS|1
ACTGTGTTTGCAGTTCTTATCTAAAATTAGTGAATATAGACATTATAATTATTCTGTATA
>HPV33_Alpha_333049_nt279_E6_AOS|1
AAATCCATTTGGAATATGTAACTGTGTTTGCAGTTCTTATCTAAAATTAGTGAATATAG
>HPV33_Alpha_333049_nt272_E6_AOS|1
GAGAGGGAAATCCATTTGGAATATGTAACTGTGTTTGCAGTTCTTATCTAAAATTAGTG
>HPV33_Alpha_333049_nt265_E6_AOS|1
GTATATAGAGAGGGAAATCCATTTGGAATATGTAACTGTGTTTGCAGTTCTTATCTAAA
>HPV33_Alpha_333049_nt258_E6_AOS|1
AACAGTTGTATATAGAGAGGGAAATCCATTTGGAATATGTAACTGTGTTTGCAGTTCTT
>HPV33_Alpha_333049_nt251_E6_AOS|1
CAGATTTAACAGTTGTATATAGAGAGGGAAATCCATTTGGAATATGTAACTGTGTTTGC
>HPV33_Alpha_333049_nt174_E6_AOS|1
TATACACAACATTGAACTACAGTGCGTGGAATGCAAAAACCTTTGCAACGATCTGAGGT
>HPV33_Alpha_333049_nt167_E6_AOS|1
AGACAACCTATACACAACATTGAACTACAGTGCGTGGAATGCAAAAACCTTTGCAACGAT
>HPV33_Alpha_333049_nt160_E6_AOS|1
GCATTGGAGACAACCTATACACAACATTGAACTACAGTGCGTGGAATGCAAAAACCTTTG
>HPV35_Alpha_333050_nt466_E6_AOS|1
AGAAGAAAAAAACGATTCCATAACATCGGTGGACGGTGGACAGGTCGGTGTATGTCCTG
>HPV35_Alpha_333050_nt445_E6_AOS|1
AGTTGAAAAAGCAAAGACATTTAGAAGAAAAAAACGATTCCATAACATCGGTGGACGGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt259_E6_AOS|1

GTGTATAGTATATAGAGAAGGCCAGCCATATGGAGTATGCATGAAATGTTAAAATTTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt248_E6_AOS|1
TGCTATGATTTGTGTATAGTATATAGAGAAGGCCAGCCATATGGAGTATGCATGAAATGT
>HPV35_Alpha_333050_nt240_E6_AOS|1
ACTTTGCATGCTATGATTTGTGTATAGTATATAGAGAAGGCCAGCCATATGGAGTATGCA
>HPV47_Beta_333062_nt243_E6_AOS|1
AGAGGAAAAGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCTTAGCTCAATTGTTAGACATACC
>HPV47_Beta_333062_nt251_E6_AOS|1
AGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCTTAGCTCAATTGTTAGACATACCTTTAGTAG
>HPV47_Beta_333062_nt236_E6_AOS|1
CAGTTAAAGAGGAAAAGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCTTAGCTCAATTGTTAG
>HPV47_Beta_333062_nt229_E6_AOS|1
CAGACTACAGTTAAAGAGGAAAAGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCTTAGCTCAA
>HPV47_Beta_333062_nt222_E6_AOS|1
TTTGGAAACAGACTACAGTTAAAGAGGAAAAGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCTT
>HPV42_Alpha_333211_nt456_E6_AOS|1
GAAAAAAACCATCATATTGATACAGGTACAAGATTTCAATTTATATTGTGTCAGTGGACG
>HPV42_Alpha_333211_nt449_E6_AOS|1
ACAGAGCGAAAAAAACCATCATATTGATACAGGTACAAGATTTCAATTTATATTGTGTCA
>HPV42_Alpha_333211_nt442_E6_AOS|1
CGTTATCACAGAGCGAAAAAAACCATCATATTGATACAGGTACAAGATTTCAATTTATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt174_E6_AOS|1
CCACCTTGCAGGACATTACAATAGCCTGTGTCTATTGCAGACGACCACTACAGCAAACCG
>HPV39_Alpha_333245_nt162_E6_AOS|1
CAACGCTGGACACCACCTTGCAGGACATTACAATAGCCTGTGTCTATTGCAGACGACCAC
>HPV93_Beta_37089393_nt376_E6_AOS|1
GCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGGTGTCGCC
>HPV93_Beta_37089393_nt369_E6_AOS|1
GTTGTTGGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt362_E6_AOS|1
TGATAGTGTTGTTGGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTAT
>HPV93_Beta_37089393_nt355_E6_AOS|1
ACTTGAATGATAGTGTTGTTGGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAAGCCACTCTCTG
>HPV93_Beta_37089393_nt348_E6_AOS|1
GATAATTACTTGAATGATAGTGTTGTTGGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAAGCCA
>HPV12_Beta_396910_nt614_E6_AOS|1
GACAGGTGGAAGGGAATTTGCAGACAGTGCAAGCATTTGTATCTGAATAATGATCGGTAA
>HPV12_Beta_396910_nt607_E6_AOS|1
GGTTAGAGACAGGTGGAAGGGAATTTGCAGACAGTGCAAGCATTTGTATCTGAATAATGA
>HPV12_Beta_396910_nt474_E6_AOS|1
TGCTAGGTAGAGATATAGAGCTTGCTACTGGAAAATCTATATTTGACTTAAAGATAAGGT
>HPV14D_Beta_396918_nt260_E6_AOS|1
GTGATAGCACAGAAACCAAATCTTCTTTTATAGAGCCACCATTACCTGCAACTATATTTG
>HPV14D_Beta_396918_nt380_E6_AOS|1
GTAATTTTTTGACTCATTTAGAAGTCTGTGAATTTGATGAGAAAAAACTAAGTCTAATTT
>HPV14D_Beta_396918_nt302_E6_AOS|1
TACCTGCAACTATATTTGGCTTAGCAAACCTATTGGAAATACCACTAGATGATTGTTTAG
>HPV14D_Beta_396918_nt287_E6_AOS|1
TTATAGAGCCACCATTACCTGCAACTATATTTGGCTTAGCAAACCTATTGGAAATACCAC
>HPV14D_Beta_396918_nt280_E6_AOS|1
TCTTCTTTTATAGAGCCACCATTACCTGCAACTATATTTGGCTTAGCAAACCTATTGGAA
>HPV14D_Beta_396918_nt246_E6_AOS|1
TAAGAGTAACTATTGTGATAGCACAGAAACCAAATCTTCTTTTATAGAGCCACCATTACC
>HPV14D_Beta_396918_nt239_E6_AOS|1
CTTCTCCTAAGAGTAACTATTGTGATAGCACAGAAACCAAATCTTCTTTTATAGAGCCAC

>HPV15_Beta_396924_nt436_E6_AOS|1
GTCGGTGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGTTGGAGATATTATTAT
>HPV15_Beta_396924_nt447_E6_AOS|1
GTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGTTGGAGATATTATTATTCGCTGCAAAT
>HPV15_Beta_396924_nt429_E6_AOS|1
ATGAACAGTCGGTGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGTTGGAGATA
>HPV15_Beta_396924_nt422_E6_AOS|1
AACTTTTATGAACAGTCGGTGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGTT
>HPV15_Beta_396924_nt415_E6_AOS|1
ATTTTCTAACTTTTATGAACAGTCGGTGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAA
>HPV17_Beta_396932_nt447_E6_AOS|1
GAAGGGAGTTAGAGGAAATAGAGCACAAAGCCAATAGGGGAAATACCTATTCGCTGCAAGT
>HPV17_Beta_396932_nt527_E6_AOS|1
TTACTAGAGAAGTTAGACACTTGTTATAGACATCAGCAGTTTCATAAGGTTAGACGCAAT
>HPV17_Beta_396932_nt519_E6_AOS|1
AATTGGATTTACTAGAGAAGTTAGACACTTGTTATAGACATCAGCAGTTTCATAAGGTTA
>HPV17_Beta_396932_nt440_E6_AOS|2
GTGAGTGGAAGGGAGTTAGAGGAAATAGAGCACAAAGCCAATAGGGGAAATACCTATTCGC
>HPV17_Beta_396932_nt432_E6_AOS|1
AACAAATCAGTGAGTGGAAGGGAGTTAGAGGAAATAGAGCACAAAGCCAATAGGGGAAATAC
>HPV17_Beta_396932_nt422_E6_AOS|1
AAGTTTTATGAACAATCAGTGAGTGGAAGGGAGTTAGAGGAAATAGAGCACAAAGCCAATA
>HPV17_Beta_396932_nt288_E6_AOS|1
GTAATAGGTTTTTTAGCTTACATAGAATTGGTGGCGTTTTGATTTAAAAGGTTTGCAGTTAA
>HPV17_Beta_396932_nt281_E6_AOS|2
AGATTTTGTAAATAGGTTTTTTAGCTTACATAGAATTGGTGGCGTTTTGATTTAAAAGGTTTG
>HPV19_Beta_396940_nt491_E6_AOS|1
TTCTATGAGCATACTGTAACAGGTAGAGAAATTGAGTTTGTAACAGGTAAATCTGTCTTT
>HPV19_Beta_396940_nt484_E6_AOS|1
TAATGAGTTCTATGAGCATACTGTAACAGGTAGAGAAATTGAGTTTGTAACAGGTAAATC
>HPV19_Beta_396940_nt474_E6_AOS|1
CATTTGAATTTAATGAGTTCTATGAGCATACTGTAACAGGTAGAGAAATTGAGTTTGTA
>HPV19_Beta_396940_nt361_E6_AOS|2
CAAGTTTTTTATCACATTTAGAAAGCGTGCGAATTTGATGATAAAAGACTTAGTTTGATTTG
>HPV19_Beta_396940_nt354_E6_AOS|1
TCTGTGGCAAGTTTTTTATCACATTTAGAAAGCGTGCGAATTTGATGATAAAAGACTTAGTT
>HPV19_Beta_396940_nt288_E6_AOS|1
CAACAATTGCTGGATTAGCAGCATTGCTAGAAATACCGTTGGATGACTGTTTAGTGCCTT
>HPV25_Beta_396948_nt456_E6_AOS|1
CCACATTTGAATTTAATGAATTTTACGAAAGCACTGTAACAGGTAGGGAAATTGAAGACG
>HPV25_Beta_396948_nt469_E6_AOS|1
TAATGAATTTTACGAAAGCACTGTAACAGGTAGGGAAATTGAAGACGTTACAGGTAAATC
>HPV25_Beta_396948_nt345_E6_AOS|1
GCAACTTTCTAACATATTTAGAGATCTGTGAGTTTGATGAGAAAAGACTTAGTTTGATTT
>HPV25_Beta_396948_nt338_E6_AOS|1
TTCTGTGGCAACTTTCTAACATATTTAGAGATCTGTGAGTTTGATGAGAAAAGACTTAGT
>HPV25_Beta_396948_nt266_E6_AOS|1
TTGCCAGCAACAATTACTGATCTAGCAGCTTTATTGGAAATTCATTAGATGATTGCTTA
>HPV25_Beta_396948_nt259_E6_AOS|1
GCCACCATTGCCAGCAACAATTACTGATCTAGCAGCTTTATTGGAAATTCATTAGATGA
>HPV25_Beta_396948_nt252_E6_AOS|1
TTATACAGCCACCATTGCCAGCAACAATTACTGATCTAGCAGCTTTATTGGAAATTCAT
>HPV25_Beta_396948_nt212_E6_AOS|1
AATGCTGAACAGAGCATAGGACCACCAGAGCAAGCGCAGGTTATACAGCCACCATTGCCA
>HPV27_Alpha_396964_nt213_E6_AOS|1

AGACGAGCGCTTTCAGACGCTGATGTATTGGCATTGCAATAAAAGAACTGTCTGTAGTG
>HPV27_Alpha_396964_nt199_E6_AOS|1
TCTGCGTGTATTGCAGACGAGCGCTTTCAGACGCTGATGTATTGGCATTGCAATAAAAG
>HPV30_Alpha_396973_nt133_E6_AOS|1
GCCACGCTACTGTGCACCATCTTTGTGAGGTACAAGAAACATCGTTGCTGGAGCTACAGC
>HPV30_Alpha_396973_nt140_E6_AOS|1
TACTGTGCACCATCTTTGTGAGGTACAAGAAACATCGTTGCTGGAGCTACAGCTACAGTG
>HPV3_Alpha_397005_nt164_E6_AOS|1
CACCGGAATAGGATTTGACGACCTTCGCCTGCCTGCATATTCTGTACGAAACAGCTGAC
>HPV3_Alpha_397005_nt205_E6_AOS|1
TCTGTACGAAACAGCTGACTACAACCTGAACCTACAAGCATTGTCATTACGGGAACTGAATG
>HPV3_Alpha_397005_nt196_E6_AOS|1
ACTGCATATTCTGTACGAAACAGCTGACTACAACCTGAACCTACAAGCATTGTCATTACGGG
>HPV3_Alpha_397005_nt189_E6_AOS|1
CGCCTGCACTGCATATTCTGTACGAAACAGCTGACTACAACCTGAACCTACAAGCATTGCA
>HPV3_Alpha_397005_nt173_E6_AOS|1
AGGATTTGACGACCTTCGCCTGCACTGCATATTCTGTACGAAACAGCTGACTACAACCTGA
>HPV3_Alpha_397005_nt148_E6_AOS|1
TTCTACTGTGCAGAAACACCGGAATAGGATTTGACGACCTTCGCCTGCACTGCATATTCT
>HPV40_Alpha_397014_nt310_E6_AOS|1
ACGGAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGATACGCAGCCTATGCACCAACCGTGGAAG
>HPV40_Alpha_397014_nt303_E6_AOS|1
GACCTGCACGGAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGATACGCAGCCTATGCACCAACC
>HPV40_Alpha_397014_nt296_E6_AOS|2
GTGCCTGGACCTGCACGGAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGATACGCAGCCTATGC
>HPV40_Alpha_397014_nt289_E6_AOS|1
GTCCACGGTGCCTGGACCTGCACGGAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGATACGCAG
>HPV40_Alpha_397014_nt282_E6_AOS|1
GCCGCATGTCCACGGTGCCTGGACCTGCACGGAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGA
>HPV40_Alpha_397014_nt275_E6_AOS|1
TCCACACGCCGCATGTCCACGGTGCCTGGACCTGCACGGAAGTAAACCAATACAGAAA
>HPV45_Alpha_397022_nt498_E6_AOS|1
CAGTACCGAGGGCAGTGTAAATACATGTTGTGACCAGGCACGGCAAGAAAGACTTCGCAGA
>HPV52_Alpha_397038_nt368_E6_AOS|1
AGAGAGGGTAAAAAAACCATTAAAGTGAAATAACTATTAGATGTATAATTTGTCAAACGCC
>HPV52_Alpha_397038_nt361_E6_AOS|1
CATTAGAAGAGAGGGTAAAAAAACCATTAAAGTGAAATAACTATTAGATGTATAATTTGTC
>HPV52_Alpha_397038_nt354_E6_AOS|1
GGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAAAAAAACCATTAAAGTGAAATAACTATTAGATGTATA
>HPV52_Alpha_397038_nt347_E6_AOS|1
ACTGTATGGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAAAAAAACCATTAAAGTGAAATAACTATTAG
>HPV52_Alpha_397038_nt340_E6_AOS|1
AATATTCACTGTATGGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAAAAAAACCATTAAAGTGAAATAA
>HPV52_Alpha_397038_nt333_E6_AOS|1
CATTATCAATATTCCTGTATGGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAAAAAAACCATTAAAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt326_E6_AOS|1
ATATAGGCATTATCAATATTCCTGTATGGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAAAAAAACC
>HPV52_Alpha_397038_nt319_E6_AOS|1
TAAGTGAATATAGGCATTATCAATATTCCTGTATGGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAA
>HPV52_Alpha_397038_nt305_E6_AOS|1
CTTTTTATCTAAGATAAGTGAATATAGGCATTATCAATATTCCTGTATGGGAAAACATT
>HPV52_Alpha_397038_nt298_E6_AOS|1
GCCTACGCTTTTTATCTAAGATAAGTGAATATAGGCATTATCAATATTCCTGTATGGGA
>HPV56_Alpha_397053_nt268_E6_AOS|2
TGTATAGGGATGATTTTCCTTATGCAGTGTGCAGAGTATGTTTATTGTTTTATAGTAAAG

>HPV56_Alpha_397053_nt261_E6_AOS|2
AAATTAGTGTATAGGGATGATTTTCCTTATGCAGTGTGCAGAGTATGTTTATTGTTTTAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt188_E6_AOS|1
CAGCATGCCTATTGAGAGAGATTAAAGTAAGAGAGCTACGGCGGTGGCAGCACTCATGCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt205_E6_AOS|1
GAGATTAAAGTAAGAGAGCTACGGCGGTGGCAGCACTCATGCTTTGGAATAACAGTAGAA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt198_E6_AOS|1
ATTGAGAGAGATTAAAGTAAGAGAGCTACGGCGGTGGCAGCACTCATGCTTTGGAATAAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt304_E6_AOS|1
TACAGTTTCATGGAAAAATAAGTCAATATAGGCACCTTTGACTACGCAGCATATGCAGATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt316_E6_AOS|1
GAAAAATAAGTCAATATAGGCACCTTTGACTACGCAGCATATGCAGATACTGTAGAAGAAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt297_E6_AOS|1
GCCTGTCTACAGTTTCATGGAAAAATAAGTCAATATAGGCACCTTTGACTACGCAGCATAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt290_E6_AOS|1
ATGCTTGGCCTGTCTACAGTTTCATGGAAAAATAAGTCAATATAGGCACCTTTGACTACGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt434_E6_AOS|1
CTATAAACCGTTAACATACCAAGAAAAGGAGTATCTTGTGACAGGCCTAATCCACTTTCA
>HPV81_Alpha_40804509_nt427_E6_AOS|1
ATGCATGCTATAAACCGTTAACATACCAAGAAAAGGAGTATCTTGTGACAGGCCTAATCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt319_E6_AOS|1
GCAGAGAAGCTAAAGTACGGGAGCTGCGGCGGTGGCAATATTCGTGCTTCGGACCAACAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt102_E6_AOS|1
ATGGTCAGCACAGCAGTGATGTGCTGCGGCGGAGCAAATCCTACCAATTTGTTTTTGCTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt360_E6_AOS|2
GGACTGGAAGATTTAGTAGGACAAAAATCAGGGATATATGTGTAAGATGTTTATGCTGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt390_E6_AOS|1
AGGGATATATGTGTAAGATGTTTATGCTGTCTTAACTATTAGACATAGTAGAAAACTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt383_E6_AOS|1
AAAAATCAGGGATATATGTGTAAGATGTTTATGCTGTCTTAACTATTAGACATAGTAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt376_E6_AOS|1
TAGGACAAAAAATCAGGGATATATGTGTAAGATGTTTATGCTGTCTTAACTATTAGACA
>HPV95_Gamma_40804520_nt369_E6_AOS|1
GATTTAGTAGGACAAAAAATCAGGGATATATGTGTAAGATGTTTATGCTGTCTTAACTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt353_E6_AOS|1
TGCTACTGGACTGGAAGATTTAGTAGGACAAAAAATCAGGGATATATGTGTAAGATGTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt346_E6_AOS|1
CTGTATATGCTACTGGACTGGAAGATTTAGTAGGACAAAAAATCAGGGATATATGTGTAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt175_E6_AOS|1
GCTGCGTGTTCTGCACCAAACAGCTGACCGTAGCCGAATTGACTGCATTTGCATTAAGAG
>HPV94_Alpha_40804528_nt183_E6_AOS|1
TTCTGCACCAAACAGCTGACCGTAGCCGAATTGACTGCATTTGCATTAAGAGAATTGAAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt138_E6_AOS|1
AGGAACTGTGGAATATCATTTGAGGACCTTCGCCTGTGCTGCGTGTTCTGCACCAAACAG
>HPV94_Alpha_40804528_nt130_E6_AOS|1
TATTGTGTAGGAACTGTGGAATATCATTTGAGGACCTTCGCCTGTGCTGCGTGTTCTGCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt141_E6_AOS|2
AAACTACCAGACCTATGCAACACACTGGACACATCACTGCAAGATATAGAAATAAGCTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt404_E6_AOS|1
TATATTAATAAGGTGTTTACGGTGTCAAAAACCTTTATGTCCGGCAGAAAACTAAAACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt397_E6_AOS|1
TATATGATATATTAATAAGGTGTTTACGGTGTCAAAAACCTTTATGTCCGGCAGAAAAAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt312_E6_AOS|1
ATGTTTTTATTCTAAAATAAGAGAACTAAGATATTATAGCGACTCTGTGTATGGGGAAACG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt151_E6_AOS|1

ACCTATGCAACACACTGGACACATCACTGCAAGATATAGAAATAAGCTGTGTATATTGTA
>HPV96_Beta_50253426_nt260_E6_AOS|1
TGTGTGGCAATTACAACCTGCCACTCATAACAAGTAACCGCCTGCGTTTCTAGGACATTT
>HPV96_Beta_50253426_nt253_E6_AOS|1
GAGAGGTTGTTGGCAATTACAACCTGCCACTCATAACAAGTAACCGCCTGCGTTTCTAG
>HPV96_Beta_50253426_nt225_E6_AOS|1
CTCTCTCGGTTGCCAAAAGTTTTATCTTGAGAGGTTGTTGGCAATTACAACCTGCCACTC
>HPV96_Beta_50253426_nt218_E6_AOS|1
TTGCGAACTCTCTCGGTTGCCAAAAGTTTTATCTTGAGAGGTTGTTGGCAATTACAACCT
>HPV96_Beta_50253426_nt210_E6_AOS|1
CGGTAAGTTTCGCAACTCTCTCGGTTGCCAAAAGTTTTATCTTGAGAGGTTGTTGGCAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt141_E6_AOS|2
TTTGCCAAAAGCAGTTTAAACCTGCCAAGAAAAGCCCCGCAAAACGTCTGCCAACTTTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt116_E6_AOS|1
CCTGGAACAACACCGATCCAGTGGCTTTGCCAAAAGCAGTTTAAACCTGCCAAGAAAAGC
>HPV96_Beta_50253426_nt109_E6_AOS|1
AGTCACTCCTGGAACAACACCGATCCAGTGGCTTTGCCAAAAGCAGTTTAAACCTGCCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt102_E6_AOS|1
TCCTGGCAGTCACTCCTGGAACAACACCGATCCAGTGGCTTTGCCAAAAGCAGTTTAAAC
>HPV96_Beta_50253426_nt94_E6_AOS|1
GTATCTGATCCTGGCAGTCACTCCTGGAACAACACCGATCCAGTGGCTTTGCCAAAAGCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt192_E6_AOS|1
TCTACGTAAAGCAGCAAAGGTGCGAGAGCTACGGCACTGGAGCCACTCAAGCTACGGGGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt257_E6_AOS|1
TAGAAGAAGAAACAAAAACACCACTGGCACAGCTGTATATACGATGCCATATGTGCCTGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt250_E6_AOS|1
GCAACAGTAGAAGAAGAAACAAAAACACCACTGGCACAGCTGTATATACGATGCCATATG
>HPV83_Alpha_5059324_nt185_E6_AOS|1
CACAGTGTCTACGTAAAGCAGCAAAGGTGCGAGAGCTACGGCACTGGAGCCACTCAAGCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt178_E6_AOS|1
GCGTGTGCACAGTGTCTACGTAAAGCAGCAAAGGTGCGAGAGCTACGGCACTGGAGCCAC
>HPV59_Alpha_557236_nt372_E6_AOS|1
TAGATGCCTAAAACCTCTATGTCCAACAGATAAATTAAAGCATATAACTGAAAAAGAAG
>HPV59_Alpha_557236_nt365_E6_AOS|1
GCTGTTATAGATGCCTAAAACCTCTATGTCCAACAGATAAATTAAAGCATATAACTGAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt440_E6_AOS|1
AAGTAGAAAAGGTAAAACATATACTAACCAAGGCACGGTTCATAAAGCTAAATTGTACGT
>HPV57_Alpha_60882_nt499_E6_AOS|1
CCGGACATTGCATGAACTGTGCGCCAAGATGCATGGAGAACGCCCCAGCCTTGAGGACAT
>HPV57_Alpha_60882_nt506_E6_AOS|1
TTGCATGAACTGTGCGCCAAGATGCATGGAGAACGCCCCAGCCTTGAGGACATCACACTA
>HPV57_Alpha_60882_nt492_E6_AOS|1
CAGTGGACCGGACATTGCATGAACTGTGCGCCAAGATGCATGGAGAACGCCCCAGCCTTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt275_E6_AOS|1
TGCATATGGTGCATGTAAAAAATGTATAATATTCTATTCAAAAATAATAGAATATAGACG
>HPV69_Alpha_6970418_nt268_E6_AOS|1
ATGATAGTGCATATGGTGCATGTAAAAAATGTATAATATTCTATTCAAAAATAATAGAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt261_E6_AOS|2
TATAGAAATGATAGTGCATATGGTGCATGTAAAAAATGTATAATATTCTATTCAAAAATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt254_E6_AOS|1
AATAGTGTATAGAAATGATAGTGCATATGGTGCATGTAAAAAATGTATAATATTCTATTTC
>HPV82_Alpha_6970427_nt498_E6_AOS|1
ACGGGACAGTGTGCAAATTGCAGAAAACCACCAAGACAACGTAGTGAAACCCAGGTGTAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt491_E6_AOS|1
ACGCTGGACGGGACAGTGTGCAAATTGCAGAAAACCACCAAGACAACGTAGTGAAACCCA

>HPV82_Alpha_6970427_nt263_E6_AOS|1
TAGGGACAATACGCCATATGCAGCATGCAAAAAATGCCTAATGTTTTATTCTAGAAATTAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt249_E6_AOS|1
CTTAGGATTGTATATAGGGACAATACGCCATATGCAGCATGCAAAAAATGCCTAATGTTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt242_E6_AOS|1
TACAGAACTTAGGATTGTATATAGGGACAATACGCCATATGCAGCATGCAAAAAATGCCT
>HPV82_Alpha_6970427_nt154_E6_AOS|1
CCTGCAATACGTCTATGCACAATATTCAGGTATTGTGTGTATATTGTAAAAAGGAGTTGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt139_E6_AOS|1
ACGAATTATGTGAAGCCTGCAATACGTCTATGCACAATATTCAGGTATTGTGTGTATATT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt103_E6_AOS|1
TGCAGAAAGCAACTACAACGGACAGAGGTATATGAATTTGCCTTTAGTGACCTATGTGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt342_E6_AOS|1
AGCAGACAAATATAAACATCTTAAAGACAAACGACGATTCCACCACATATCTGGTTATTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt352_E6_AOS|1
TATAAACATCTTAAAGACAAACGACGATTCCACCACATATCTGGTTATTATAGAGGCCAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt335_E6_AOS|1
TGAATCCAGCAGACAAATATAAACATCTTAAAGACAAACGACGATTCCACCACATATCTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt16_E6_AOS|1
AGAGATATGTTGCTTCAGCACAAAATAGCCATGACCAACGGAGACTGCTGTCCAAAGAAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt286_E6_AOS|1
TCCAGCTATGCACCCACAGTGGAGTATGAAACAGGGATACCAATACTAGAGCTGTTTATT
>HPV106_Alpha_71726710_nt279_E6_AOS|1
GGACTACTCCAGCTATGCACCCACAGTGGAGTATGAAACAGGGATACCAATACTAGAGCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt243_E6_AOS|1
GAAAGCAGCTGGAAAACCTTAGACAATTTAGATACTGGGACTACTCCAGCTATGCACCCAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt9_E6_AOS|1
ATATAAAAGAGATATGTTGCTTCAGCACAAAATAGCCATGACCAACGGAGACTGCTGTCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt240_E6_AOS|1
CAGCTACGGCGCAACGGTTGAAGAAGAAACCCGCACAGCATTACCACAGCTGTATATGAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt233_E6_AOS|1
ACTACTCCAGCTACGGCGCAACGGTTGAAGAAGAAACCCGCACAGCATTACCACAGCTGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt226_E6_AOS|1
CACTGGAAGTACTCCAGCTACGGCGCAACGGTTGAAGAAGAAACCCGCACAGCATTACCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt215_E6_AOS|1
GGGAAGTACGGCACTGGAAGTACTCCAGCTACGGCGCAACGGTTGAAGAAGAAACCCGCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt291_E6_AOS|1
CTTGTGCATGCTGCTTAGAAATACAAGGAAAGATTAACCAGTTTAGGCATTTTGAAGTTCG
>HPV13_Alpha_85827580_nt284_E6_AOS|1
TTTGCGGCTTGTGCATGCTGCTTAGAAATACAAGGAAAGATTAACCAGTTTAGGCATTTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt277_E6_AOS|1
GTTTCCATTTGCGGCTTGTGCATGCTGCTTAGAAATACAAGGAAAGATTAACCAGTTTAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt270_E6_AOS|1
GAGGATCGTTTCCATTTGCGGCTTGTGCATGCTGCTTAGAAATACAAGGAAAGATTAACC
>HPV13_Alpha_85827580_nt255_E6_AOS|1
TATATATAGTGTGGCGAGGATCGTTTCCATTTGCGGCTTGTGCATGCTGCTTAGAAATAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt248_E6_AOS|1
AAGAGTTTATATATAGTGTGGCGAGGATCGTTTCCATTTGCGGCTTGTGCATGCTGCTTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt240_E6_AOS|1
TTCAGTATAAGAGTTTATATATAGTGTGGCGAGGATCGTTTCCATTTGCGGCTTGTGCAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt220_E6_AOS|1
CACGGCAGAGGTTTATTCATTTTCAGTATAAGAGTTTATATATAGTGTGGCGAGGATCGTT
>HPV2_Alpha_9626032_nt177_E6_AOS|1
ATTTGCGATTGCTCTGTGTATGGTGCAACGGCCGTTATCAGAGGCTGACATATGGGCAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt191_E6_AOS|1

TGTGTATGGTGCAAACGGCCGTTATCAGAGGCTGACATATGGGCATTTGCAATAAAAGAA
>HPV2_Alpha_9626032_nt184_E6_AOS|1
ATTGCTCTGTGTATGGTGCAAACGGCCGTTATCAGAGGCTGACATATGGGCATTTGCAAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt170_E6_AOS|1
CTAGAGGATTTGCGATTGCTCTGTGTATGGTGCAAACGGCCGTTATCAGAGGCTGACATA
>HPV41_Nu_9626041_nt304_E6_AOS|1
AAGGGGGGCCAACGGGTATTTGTTCTCAGTGTACTAGAGTGCTTGCAAGGCTGGAGTTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt293_E6_AOS|1
ATCCTGGGGAGAAGGGGGGCCAACGGGTATTTGTTCTCAGTGTACTAGAGTGCTTGCAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt277_E6_AOS|1
AGAGCTGTCTGTACTTATCCTGGGGAGAAGGGGGGCCAACGGGTATTTGTTCTCAGTGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt270_E6_AOS|1
TTCGACCAGAGCTGTCTGTACTTATCCTGGGGAGAAGGGGGGCCAACGGGTATTTGTTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt259_E6_AOS|1
ATATTTACGCTTTCGACCAGAGCTGTCTGTACTTATCCTGGGGAGAAGGGGGGCCAACGG
>HPV41_Nu_9626041_nt242_E6_AOS|1
GATCCTTAGCGTATTGGATATTTACGCTTTCGACCAGAGCTGTCTGTACTTATCCTGGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt233_E6_AOS|1
TTGCTATAAGATCCTTAGCGTATTGGATATTTACGCTTTCGACCAGAGCTGTCTGTACTT
>HPV41_Nu_9626041_nt224_E6_AOS|1
CTGCCATTATTGCTATAAGATCCTTAGCGTATTGGATATTTACGCTTTCGACCAGAGCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt157_E6_AOS|1
AGAAGCCACATACCATACGGGAGTTGTGTTTGGCGCAGCAGATAAATTATCCATGCATAC
>HPV41_Nu_9626041_nt150_E6_AOS|1
GAGACGCAGAAGCCACATACCATACGGGAGTTGTGTTTGGCGCAGCAGATAAATTATCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt416_E6_AOS|1
AAACTGAGTGTTGCTGAAAAATTGGAGGTTGTGTCAAACGGAGAAAGAGTGCATAGAGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt409_E6_AOS|1
CATAAAAAAACTGAGTGTTGCTGAAAAATTGGAGGTTGTGTCAAACGGAGAAAGAGTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt117_E6_AOS|1
TCCGGACCGTCAGACAGCTTTCGAAAGCCTCTGTATCCCATATATTGATGTTTTATTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt110_E6_AOS|1
ACACCAATCCGGACCGTCAGACAGCTTTCGAAAGCCTCTGTATCCCATATATTGATGTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt142_E6_AOS|1
AGCTACCTGATCTGTGCACGGAACCTGAACACTTCACTGCAAGACATAGAAATAACCTGTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt202_E6_AOS|1
TCGATCTTGCGGATCTTGCTTTATTCTATCTTAAGAACTTAGTTTAGTATTTAGAGGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt124_E6_AOS|1
CGGTTCGGGATCTGAGTTCTGCTCTCCGTATCCCATTTATTGATTTGGTTGTTCTTGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt214_E6_AOS|1
AAAAATTGCTGTTTGATTATTTTGAATTGCTATCTTATCTGGCGAGATAATTTTCGTGTTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt117_E6_AOS|1
GTACATTCGGTTCGGGATCTGAGTTCTGCTCTCCGTATCCCATTTATTGATTTGGTTGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt484_E6_AOS|1
TATAAGGGGTCGGTGGACCGGTCGATGTATGTCTTGTTGCAGATCATCAAGAACACGTAG
>HPV5_Beta_9627145_nt429_E6_AOS|2
GCTGTGGCGCCACTGCAACTTATGAATTTAACCAATTTTATGAGCAGACAGTGTAGGAA
>HPV5_Beta_9627145_nt419_E6_AOS|1
TGTCGCGTATGCTGTGGCGCCACTGCAACTTATGAATTTAACCAATTTTATGAGCAGACA
>HPV5_Beta_9627145_nt251_E6_AOS|1
GAATTACCTTTAAGTATTAGAGACTTAGCTGAAGCCTTAGGCATCCCTGTGATTGATTGT
>HPV5_Beta_9627145_nt244_E6_AOS|1
TAAGGCAGAATTACCTTTAAGTATTAGAGACTTAGCTGAAGCCTTAGGCATCCCTGTGAT
>HPV5_Beta_9627145_nt237_E6_AOS|1
AAAAAGATAAGGCAGAATTACCTTTAAGTATTAGAGACTTAGCTGAAGCCTTAGGCATCC

>HPV10_Alpha_9627257_nt146_E6_AOS|1
TAGAAATTGTGGAATACCTTTGGAGGACCTTCGCCTGTGCTGTATATTTTGCACAAAACA
>HPV10_Alpha_9627257_nt192_E6_AOS|1
TTTTGCACAAAACAGCTGACCGCAGCGGAATTGGCAGCATTTGCACTTAGAGAATTATAT
>HPV10_Alpha_9627257_nt185_E6_AOS|1
CTGTATATTTTGCACAAAACAGCTGACCGCAGCGGAATTGGCAGCATTTGCACTTAGAGA
>HPV10_Alpha_9627257_nt139_E6_AOS|1
TTTTGTGTAGAAATTGTGGAATACCTTTGGAGGACCTTCGCCTGTGCTGTATATTTTGCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt240_E6_AOS|1
TGACCTAAGAGTAGTATATAGAGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGCAAAAGATGTGTAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt255_E6_AOS|1
ATATAGAGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGCAAAAGATGTGTAATATTTTATTCAAAAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt248_E6_AOS|1
GAGTAGTATATAGAGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGCAAAAGATGTGTAATATTTTATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt233_E6_AOS|1
CAATTTGTGACCTAAGAGTAGTATATAGAGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGCAAAAGAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt226_E6_AOS|1
AATTTTGCATTTGTGACCTAAGAGTAGTATATAGAGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt103_E6_AOS|1
GAGGATCCTAGAGAACGACCCAGAACGCTACATGAGCTATGTGAAAGCTTGAATACTACT
>HPV32_Alpha_9627327_nt439_E6_AOS|1
CAAGTGAGAAAAGATCATCATATTTATAACGGACGGCATTTCAGATTCATTTTAAATAGGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt432_E6_AOS|1
TTATCGCCAAGTGAGAAAAGATCATCATATTTATAACGGACGGCATTTCAGATTCATTTTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt425_E6_AOS|1
AAAGCCTTTATCGCCAAGTGAGAAAAGATCATCATATTTATAACGGACGGCATTTCAGATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt169_E6_AOS|1
CCCTGCGGAATTTACAAATCTGCTGTATTTGGTGTAAAAACCACTTAACCAGTGCTGAAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt151_E6_AOS|1
GCAAAGATTTTGGGCTGACCCTGCGGAATTTACAAATCTGCTGTATTTGGTGTAAAAACC
>HPV34_Alpha_9627334_nt141_E6_AOS|1
CCAGCCTTATGTGAAGAGGTCAACATTTCAATACATGAAATAGAATTGGACTGTGTGTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt411_E6_AOS|1
CTAATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAAATAGAAGGACGAGCAGCGGCTAATA
>HPV49_Beta_9627363_nt461_E6_AOS|2
GCGGCTAATATTGCTGAGATAGTAGTCAGATGTCTCATTTGCCTTAAGAGGCTAGATTTG
>HPV49_Beta_9627363_nt454_E6_AOS|1
ACGAGCAGCGGCTAATATTGCTGAGATAGTAGTCAGATGTCTCATTTGCCTTAAGAGGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt447_E6_AOS|1
TAGAAGGACGAGCAGCGGCTAATATTGCTGAGATAGTAGTCAGATGTCTCATTTGCCTTA
>HPV49_Beta_9627363_nt393_E6_AOS|2
CAGCATATCACGAGTTTACTAATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAAATAGAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt386_E6_AOS|1
TATAGATCAGCATATCACGAGTTTACTAATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAA
>HPV49_Beta_9627363_nt379_E6_AOS|1
TTGTGCCTATAGATCAGCATATCACGAGTTTACTAATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGG
>HPV49_Beta_9627363_nt372_E6_AOS|1
GTGCAGCTTGTGCCTATAGATCAGCATATCACGAGTTTACTAATTATCACCAAGAAATTG
>HPV49_Beta_9627363_nt365_E6_AOS|1
GGTTGTTGTGCAGCTTGTGCCTATAGATCAGCATATCACGAGTTTACTAATTATCACCAA
>HPV49_Beta_9627363_nt358_E6_AOS|1
TGTCTTTGGTTGTTGTGCAGCTTGTGCCTATAGATCAGCATATCACGAGTTTACTAATTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt311_E6_AOS|1
TTTGCTATTTTATAGTAAGGTCCGAAAATTAAGATATTACAATTGTTTCAGTGACGGGGC
>HPV53_Alpha_9627377_nt342_E6_AOS|1

AGATATTACAATTGTTTCAGTGTACGGGGCTAGCCTGGAAGCACTAACTAAAAAAGTTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt335_E6_AOS|1
AAAATTAAGATATTACAATTGTTTCAGTGTACGGGGCTAGCCTGGAAGCACTAACTAAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt328_E6_AOS|1
AGGTCCGAAAAATTAAGATATTACAATTGTTTCAGTGTACGGGGCTAGCCTGGAAGCACTAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt321_E6_AOS|2
TATAGTAAGGTCCGAAAAATTAAGATATTACAATTGTTTCAGTGTACGGGGCTAGCCTGGAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt296_E6_AOS|1
GTGTTTAGAATTTTATGGAAAAGTGAATCAGTATAGGAACTTTAGATACGCTGCATATGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt289_E6_AOS|1
GTGTAAAGTGTTTAGAATTTTATGGAAAAGTGAATCAGTATAGGAACTTTAGATACGCTG
>HPV7_Alpha_9627389_nt282_E6_AOS|1
GCAGCGTGTGTAAAGTGTTTAGAATTTTATGGAAAAGTGAATCAGTATAGGAACTTTAGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt106_E6_AOS|1
CTGCACGTTGCGGCTCCACAGCTAGAACTTTATTTGAATTATGTGACCAGTGCAATATAA
>HPV9_Beta_9627396_nt420_E6_AOS|1
CGTCTGCACAGTTAGAATTTACACATTTTTCATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAG
>HPV9_Beta_9627396_nt460_E6_AOS|1
TGTAGTTGGAAAAGATATAGAACTGTAGAAGGAACAGCTATTGGAAATATTTGTATTAG
>HPV9_Beta_9627396_nt453_E6_AOS|1
AATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAGAACTGTAGAAGGAACAGCTATTGGAAATATTT
>HPV9_Beta_9627396_nt446_E6_AOS|1
TTTTTTCAATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAGAACTGTAGAAGGAACAGCTATTGGA
>HPV9_Beta_9627396_nt439_E6_AOS|1
TACACATTTTTCATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAGAACTGTAGAAGGAACAGC
>HPV9_Beta_9627396_nt432_E6_AOS|1
TAGAATTTACACATTTTTCATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAGAACTGTAGAAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt314_E6_AOS|1
GCACGGGCAAATAAATTATAGAAGGCATCGCGACCGTGCGTGCCTGTGGGAAACAGTGGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt307_E6_AOS|1
TAGAACTGCACGGGCAAATAAATTATAGAAGGCATCGCGACCGTGCGTGCCTGTGGGAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt300_E6_AOS|1
CTGTGCCTAGAACTGCACGGGCAAATAAATTATAGAAGGCATCGCGACCGTGCGTGCCTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt231_E6_AOS|1
TAGAACTTAGTAGATTATTAAATATACCATTAGACGATTGTGTTGTACCATGTAACTTTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt395_E6_AOS|1
GTTGCTACAGCAGCATTTGAATTTGAAAATTATTTTGTAGAGAGTGTGATAGGTTGGGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt385_E6_AOS|1
ATATTGTTGTGTTGCTACAGCAGCATTTGAATTTGAAAATTATTTTGTAGAGAGTGTGAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt378_E6_AOS|1
GTTGTAGATATTGTTGTGTTGCTACAGCAGCATTTGAATTTGAAAATTATTTTGTAGAGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt224_E6_AOS|1
TCAGTGTTAGAACTTAGTAGATTATTAATATACCATTAGACGATTGTGTTGTACCATGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt217_E6_AOS|1
ACCTCAGTCAGTGTTAGAACTTAGTAGATTATTAATATACCATTAGACGATTGTGTTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt214_E6_AOS|1
ATCTTGCTTCTTTTCATAACAAACGACTGTCTGTAATTTGGAGAGATAATACACCATTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt402_E6_AOS|1
GAAAATTGTATGTGTTTGTGGATTATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCACGGTGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt426_E6_AOS|1
TATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCACGGTGGTTATTTTCATTTAGTTAGAGGTAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt419_E6_AOS|1
GTTGGATTATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCACGGTGGTTATTTTCATTTAGTTAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt412_E6_AOS|1
TGTGTTTGTGTTGGATTATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCACGGTGGTTATTTTCATT

>HPV50_Gamma_9628550_nt395_E6_AOS|1
TCGCTGTGAAAATTGTATGTGTTTGGATTATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt383_E6_AOS|1
TCCTTTGAGTTCTCTTTCTGTACGCTGTTTGGATTGCCTTACATTGTTATCTTTTGCAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt282_E6_AOS|1
GCTTGTGTACTCCGTGTCTTAGACTTACTGCTAAATTTGAAGCTGAAAACATATTTTCAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt292_E6_AOS|1
TGGCACGTGAAGTAAAAGTGAGGGAGCTGCGACATTGGGACCATTCCCTGTTACGGACCCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt318_E6_AOS|1
CTGCGACATTGGGACCATTCCCTGTTACGGACCCACTGTGGAACAGACAACAGGACGGTCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt285_E6_AOS|1
CCATGCTTGGCACGTGAAGTAAAAGTGAGGGAGCTGCGACATTGGGACCATTCCCTGTTAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt277_E6_AOS|1
TATGCGCACCATGCTTGGCACGTGAAGTAAAAGTGAGGGAGCTGCGACATTGGGACCATT
>HPV61_Alpha_9628574_nt106_E6_AOS|1
GACCGTGCAATCCAATAATTTTTCTGCTCTGCAAGGACTACGAGGTGGACTTTGAGG
>HPV8_Beta_333074_nt557_E6_AOS_rc|1
AGCCTCCTCTAACTTTATGAAAGGGACGGCCTCTCCACAGCAATCTAATTTCTCTATGA
>HPV8_Beta_333074_nt549_E6_AOS_rc|1
CTAACTTTATGAAAGGGACGGCCTCTCCACAGCAATCTAATTTCTCTATGATATCCAAA
>HPV8_Beta_333074_nt536_E6_AOS_rc|1
AGGGACGGCCTCTCCACAGCAATCTAATTTCTCTATGATATCCAAAAATGACAAGCAGT
>HPV8_Beta_333074_nt529_E6_AOS_rc|1
GCCTCTCCACAGCAATCTAATTTCTCTATGATATCCAAAAATGACAAGCAGTTTTGACA
>HPV8_Beta_333074_nt355_E6_AOS_rc|1
ACGACAACACGCAGTAACAACGTAATTTTTCCAAATTAGGCACAGTCTCTTTTTGTCAAA
>HPV8_Beta_333074_nt348_E6_AOS_rc|1
CACGCAGTAACAACGTAATTTTTCCAAATTAGGCACAGTCTCTTTTTGTCAAACACAC
>HPV51_Alpha_333087_nt490_E6_AOS_rc|1
CACTTGGGTTTCGTTACGTTGTGCGGTACGTTGCCAGCAATTAGCGCATTGCCCCGTCCA
>HPV51_Alpha_333087_nt149_E6_AOS_rc|1
ATAATTCCTTTTTACAATACACACACTACCTGTATATTGTGCATAGAAACGTTCAAAG
>HPV20_Beta_1020162_nt210_E6_AOS_rc|1
GAGGTTTTGCCTCTCCAATATTAGATGGTCCTTCATCAGCGCTGTCTTCTGAAGAAGGAG
>HPV20_Beta_1020162_nt296_E6_AOS_rc|1
ACAAGGTATCAAACAATCATCTAGCGGTATTTCTAAAAGTTTTGCTAGGCCACAGATTGT
>HPV20_Beta_1020162_nt289_E6_AOS_rc|1
ATCAAACAATCATCTAGCGGTATTTCTAAAAGTTTTGCTAGGCCACAGATTGTTGCAGGC
>HPV20_Beta_1020162_nt203_E6_AOS_rc|1
TGCCTCTCCAATATTAGATGGTCCTTCATCAGCGCTGTCTTCTGAAGAAGGAGGTGTAGC
>HPV21_Beta_1020170_nt284_E6_AOS_rc|1
CAATGGTATCTCTAACAGATTGGCTAGGTCACGAATTGTAGCTGGTAATGGTGGCTCTAA
>HPV21_Beta_1020170_nt277_E6_AOS_rc|1
ATCTCTAACAGATTGGCTAGGTCACGAATTGTAGCTGGTAATGGTGGCTCTAAAAGCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt480_E6_AOS_rc|1
ACTTCAAGCAATATTGACATCTCATATAAATTTGGCCTACAGGTCGTTGTTCTTCTTGCT
>HPV22_Beta_1020178_nt302_E6_AOS_rc|1
CAAATCTTATAATCAAATTGCCGCAATTCCAAATAGGTTAAAAACCTACTGCAGAATCT
>HPV22_Beta_1020178_nt286_E6_AOS_rc|1
AATTGCCGCAATTCCAAATAGGTTAAAAACCTACTGCAGAATCTACAAGGTAGCAAAAAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt277_E6_AOS_rc|1
AATTCCAAATAGGTTAAAAACCTACTGCAGAATCTACAAGGTAGCAAAAAGATCTACTACA
>HPV23_Beta_1020186_nt463_E6_AOS_rc|1
CGTTGCTCCTCTGCTCAATTTACGACCATACACAGTTAGCTGATAAAATTGTTGAATT
>HPV23_Beta_1020186_nt444_E6_AOS_rc|1

TTTCACGACCATACACAGTTAGCTGATAAAATTGTTGAATTTCAAATTGAGCAGAAGCAT
>HPV23_Beta_1020186_nt346_E6_AOS_rc|1
TCTGTCCAGATTAACTGCAAATGTTTATAATCAAATTCTCGCAACTCTAAATAGGTAAGA
>HPV23_Beta_1020186_nt339_E6_AOS_rc|1
AGATTAAGTAACTGCAAATGTTTATAATCAAATTCTCGCAACTCTAAATAGGTAAGAAACCTAG
>HPV23_Beta_1020186_nt332_E6_AOS_rc|1
CTGCAAATGTTTATAATCAAATTCTCGCAACTCTAAATAGGTAAGAAACCTAGAACAAAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt153_E6_AOS_rc|1
CGCTGTGGTCAGCACTTTGGCGCAGAATATGCAGTGCAAACGGAGGTCATCAAATGATAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt190_E6_AOS_rc|1
CCACATTTAGTTCTCTTAATGCAAATGCTGATAGCTCCGCTGTGGTCAGCACTTTGGCGC
>HPV28_Alpha_1020202_nt172_E6_AOS_rc|1
ATGCAAATGCTGATAGCTCCGCTGTGGTCAGCACTTTGGCGCAGAATATGCAGTGCAAAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt165_E6_AOS_rc|1
TGCTGATAGCTCCGCTGTGGTCAGCACTTTGGCGCAGAATATGCAGTGCAAACGGAGGTC
>HPV28_Alpha_1020202_nt144_E6_AOS_rc|1
CAGCACTTTGGCGCAGAATATGCAGTGCAAACGGAGGTCATCAAATGATATTCCACTGTC
>HPV29_Alpha_1020210_nt158_E6_AOS_rc|1
GGGCTGGTTAGCTCTTTTCGTGCAGAAAACACACTGTAGGCGAAGGTCCTCAAATGGTACT
>HPV29_Alpha_1020210_nt280_E6_AOS_rc|1
ACTGCCAGTATTTTAGGCGCCGCTTTATGCCCTTCAAACAATAAGCAGCGTGCACATGCAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt261_E6_AOS_rc|1
CCGCTTTATGCCCTTCAAACAATAAGCAGCGTGCACATGCACCGTACGGAGCTCCACTTTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt191_E6_AOS_rc|1
TTTAATTCCCGAATGCAAATGCTGCCAGTTCTGGGCTGGTTAGCTCTTTTCGTGCAGAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt184_E6_AOS_rc|1
CCCGAATGCAAATGCTGCCAGTTCTGGGCTGGTTAGCTCTTTTCGTGCAGAAAACACACT
>HPV36_Beta_1020218_nt480_E6_AOS_rc|1
ACCTAATGTCAATTTCAAATATGGAGCGACCTGCAGCCAATTCAATATCTCTTCCTAATA
>HPV36_Beta_1020218_nt207_E6_AOS_rc|1
TAGTTAAAGGCAGCTGTTCTTTTTCTTTTCTGTAAATATTCTGCTGTTTCGGAGGCTTGCT
>HPV36_Beta_1020218_nt200_E6_AOS_rc|1
AGGCAGCTGTTCTTTTTCTTTTCTGTAAATATTCTGCTGTTTCGGAGGCTTGCTCTGCCAT
>HPV37_Beta_1020226_nt308_E6_AOS_rc|1
TAAATCTTCTTCGGTCCAAATTAGTTGAAGACCTTTTCGATCAAATGCGATCAATTCTAT
>HPV37_Beta_1020226_nt301_E6_AOS_rc|2
TCTTCGGTCCAAATTAGTTGAAGACCTTTTCGATCAAATGCGATCAATTCTATATATGCT
>HPV38_Beta_1020234_nt441_E6_AOS_rc|1
ACCTTATAACAATAAGGCCTATTGTCTGTTGCTCCACCTGTTCAATTTACGGCCAAAGA
>HPV38_Beta_1020234_nt434_E6_AOS_rc|1
AACAAATAAGGCCTATTGTCTGTTGCTCCACCTGTTCAATTTACGGCCAAAGACAGTTAA
>HPV38_Beta_1020234_nt423_E6_AOS_rc|1
CTATTGTCTGTTGCTCCACCTGTTCAATTTACGGCCAAAGACAGTTAATTCATAAAACT
>HPV38_Beta_1020234_nt228_E6_AOS_rc|1
AGAATCTACAGGGTAATAACAGATCCTCTACAGGAAGTGAATTAATCACTGAGCTGCT
>HPV44_Alpha_1020242_nt363_E6_AOS_rc|1
CAAATAGCAGCGTATCAGCACGTCCAGAATTGACTTATTTGTTTCTTCTTCCACTGTTAC
>HPV44_Alpha_1020242_nt378_E6_AOS_rc|1
CAATGGGTTTGTGGCACAAATAGCAGCGTATCAGCACGTCCAGAATTGACTTATTTGTTTC
>HPV44_Alpha_1020242_nt371_E6_AOS_rc|1
TTGTGGCACAAATAGCAGCGTATCAGCACGTCCAGAATTGACTTATTTGTTTCTTCTTCC
>HPV44_Alpha_1020242_nt356_E6_AOS_rc|1
CAGCGTATCAGCACGTCCAGAATTGACTTATTTGTTTCTTCTTCCACTGTTACTGCATAT
>HPV44_Alpha_1020242_nt338_E6_AOS_rc|1
AGAATTGACTTATTTGTTTCTTCTTCCACTGTTACTGCATATCCCGCGTAGTTAAAATGC

>HPV55_Alpha_1020266_nt376_E6_AOS_rc|1
ACAATGGTTTGTGGCACAAATAACAGCGTATGAACACGTCCAAAATTGACTGCTTTGTCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt229_E6_AOS_rc|1
ATGGCCAATTGTTTCTATATACTAGTTTAACTCAATACATGCAAACCTATATAGCTCTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt222_E6_AOS_rc|1
ATTGTTTCTATATACTAGTTTAACTCAATACATGCAAACCTATATAGCTCTAAACTTGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt215_E6_AOS_rc|1
CTATATACTAGTTTAACTCAATACATGCAAACCTATATAGCTCTAAACTTGTAAGTTCC
>HPV66_Alpha_1020290_nt208_E6_AOS_rc|1
CTAGTTTAACTCAATACATGCAAACCTATATAGCTCTAAACTTGTAAGTTCCTTTTTGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt330_E6_AOS_rc|1
TAGTTATGCTTTCCAAAGTTGTTGCATACACCGAGTTCGAATAATGCCGTAGTTCCTTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt342_E6_AOS_rc|1
ATAACTTGGTATTAGTTATGCTTTCCAAAGTTGTTGCATACACCGAGTTCGAATAATGCC
>HPV70_Alpha_1173493_nt263_E6_AOS_rc|1
ATGAAATTTAATACATTTTGGCATGCAGCATATGGCTCCCCGTTTCTATATACTATAAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt174_E6_AOS_rc|1
CTGTTTGCTGTAGCTGTGTTTACAATAGACACAGTCTATTGTAATGTCGTGCAATGTAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt93_E6_AOS_rc|1
GGTGGGGTATGCGTCCCCGCTGGACATAGCTAAATCTGCTGAACCAAGCATTGCTTTATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt86_E6_AOS_rc|1
TATGCGTCCCCGCTGGACATAGCTAAATCTGCTGAACCAAGCATTGCTTTATATATGCAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt141_E6_AOS_rc|2
CATAAGCATTTTCATGCACACCCCATGAGGGAAATTATACCTCCAAACAATTAGTAATTCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt151_E6_AOS_rc|1
GGCTTCCCTGCATAAGCATTTTCATGCACACCCCATGAGGGAAATTATACCTCCAAACAAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt134_E6_AOS_rc|1
ATTTTCATGCACACCCCATGAGGGAAATTATACCTCCAAACAATTAGTAATTCCTTTACTG
>HPV107_Beta_126131393_nt531_E6_AOS_rc|1
ACACATCTAATATTAATAAATCCAATACTTTGCTGAGTGATCTCCTCAATCTGCTTACCT
>HPV107_Beta_126131393_nt421_E6_AOS_rc|2
AGCACAGCTGCAACAACAACCATATACTAAATTTTCATGCCAAATTAATTGTAAATTTTT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt253_E6_AOS_rc|1
CTTCTCTGAATAGGCATTGTAGGCACACTCCATAAGGAAATCCAAATCTCCACACCAGCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt420_E6_AOS_rc|1
GTGGAAGTGCAGATTGCGGTGTATCATATGCTCCTTCTCGGGCCAGCACAATGGTTTGCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt246_E6_AOS_rc|1
GAATAGGCATTGTAGGCACACTCCATAAGGAAATCCAAATCTCCACACCAGCAATAATTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt239_E6_AOS_rc|1
CATTGTAGGCACACTCCATAAGGAAATCCAAATCTCCACACCAGCAATAATTCCTTAAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt124_E6_AOS_rc|1
GCCTTAAGTTGTCAAAGTCCACCTCATATTCCTGACATAGCAAAAAGATATTGGTAGGTG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt92_E6_AOS_rc|1
TGACATAGCAAAAAGATATTGGTAGGTGTGTAGCGTCCGTTGGGCATGACTGTCCCGTTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt438_E6_AOS_rc|1
CGTCCACAGTCCGCTTATCTTGTGGAAGTGGAATTCCTGTCTGCACCTGATATTCCTTTTC
>HPV72_Alpha_1491683_nt431_E6_AOS_rc|1
AGTCCGCTTATCTTGTGGAAGTGGAATTCCTGTCTGCACCTGATATTCCTTTTCCTGACAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt424_E6_AOS_rc|1
TTATCTTGTGGAAGTGGAATTCCTGTCTGCACCTGATATTCCTTTTCCTGACAGCTTAGGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt416_E6_AOS_rc|1
TGGAAGTGGAATTCCTGTCTGCACCTGATATTCCTTTTCCTGACAGCTTAGGGGTTTGCAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt324_E6_AOS_rc|1
TGATTTGCCTGTTTCCTGTTCCACAGTGGGTCCGTAGCCCGAATACGTCCAGTATCGTAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt137_E6_AOS_rc|1

CAAAATATGCAGGTAATCCGTAAATCTTCTAGGTCCACCTCAATTTTCCTGCACAGCAAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt143_E6_AOS_rc|1
CAAACACACAGTCCAGGTTTATATCATGTATAGAAATATTCACTTCGTACATAACGCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt325_E6_AOS_rc|1
TGTTAGTTAAATTTTCTAACGTAGTGCCATATACTGATTGTCTATATCGCCTATACTCTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt316_E6_AOS_rc|1
AATTTTCTAACGTAGTGCCATATACTGATTGTCTATATCGCCTATACTCTCTAATTTTAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt136_E6_AOS_rc|1
CACAGTCCAGGTTTATATCATGTATAGAAATATTCACTTCGTACATAACGCTTGTAGCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt129_E6_AOS_rc|1
CAGGTTTATATCATGTATAGAAATATTCACTTCGTACATAACGCTTGTAGCTTGTATGG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt149_E6_AOS_rc|1
CTTCTCTGCATATGCATTTTAGGCACACGCCATGAGGAAATCCGTGTTTCCAGACCAGTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt142_E6_AOS_rc|1
GCATATGCATTTTAGGCACACGCCATGAGGAAATCCGTGTTTCCAGACCAGTAATAATTC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt135_E6_AOS_rc|1
CATTTTAGGCACACGCCATGAGGAAATCCGTGTTTCCAGACCAGTAATAATTCCTTTAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt342_E6_AOS_rc|1
ATGACATACATTCATAGCATCGGCATACCACATCAGCTAGATTCTTTCTTAGGAAATCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt353_E6_AOS_rc|1
TAAATCAAGCAATGACATACATTCATAGCATCGGCATACCACATCAGCTAGATTCTTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt287_E6_AOS_rc|1
ATCCTCAAAATGAATTCCTTTACAGAGCAGCGGTAAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt280_E6_AOS_rc|1
AAATGAATTCCTTTACAGAGCAGCGGTAAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGCAGAAAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt273_E6_AOS_rc|1
TTCCCTTTACAGAGCAGCGGTAAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGCAGAAAGCCTAGAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt266_E6_AOS_rc|1
TACAGAGCAGCGGTAAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGCAGAAAGCCTAGAACAAGGGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt259_E6_AOS_rc|1
CAGCGGTAAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGCAGAAAGCCTAGAACAAGGGACACAACAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt252_E6_AOS_rc|1
AAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGCAGAAAGCCTAGAACAAGGGACACAACACGCAAAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt106_E6_AOS_rc|1
CAAGGAAGATGCACATCAAAAAGAGAAATATTAAAAATCGAACAGAAGTCATCTAGCCGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt93_E6_AOS_rc|1
CATCAAAAAGAGAAATATTAAAAATCGAACAGAAGTCATCTAGCCGTTTTGGTAGATAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt239_E6_AOS_rc|1
CAAACCTAATAATTCTATATATGATAAAAACCTAGTACAAAATCTACACGGTATTAATA
>HPV110_Beta_186461194_nt225_E6_AOS_rc|1
TCTATATATGATAAAAACCTAGTACAAAATCTACACGGTATTAATATGTCTAAAACAGGA
>HPV110_Beta_186461194_nt218_E6_AOS_rc|1
ATGATAAAAACCTAGTACAAAATCTACACGGTATTAATATGTCTAAAACAGGAATGCATA
>HPV110_Beta_186461194_nt208_E6_AOS_rc|1
CCTAGTACAAAATCTACACGGTATTAATATGTCTAAAACAGGAATGCATAATGTATCTGC
>HPV111_Beta_186461202_nt463_E6_AOS_rc|1
AATATTGTTGTTTGTAGCACACTCCTAGCTTCTCTACCAGATCCAATTTTTTCAAACAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt470_E6_AOS_rc|1
CTATGAAAATATTGTTGTTTGTAGCACACTCCTAGCTTCTCTACCAGATCCAATTTTTTTC
>HPV111_Beta_186461202_nt379_E6_AOS_rc|1
CAATAGGCTGGTTTGCTACAGTTTCTATCTGTTTTCTACAACAGAGTATTCAAATATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt411_E6_AOS_rc|1
CTTTAAACAATAAATGCATCTGATAGTAATAAAGCCTACAGACTGTTGAGTCACCTGCTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt426_E6_AOS_rc|1
TAAAGGTCTAGATGCTTTAAACAATAAATGCATCTGATAGTAATAAAGCCTACAGACTG

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt419_E6_AOS_rc|1
TCTAGATGCTTTAAACAATAAATGCATCTGATAGTAATAAAGCCTACAGACTGTTGAGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt81_E6_AOS_rc|1
ATGTACCGCTTTCGGTCGGACCGTTTTTCGGTTACTCCCTTTAGTACAAGCATAATAATTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt94_E6_AOS_rc|1
GGGTGGTTTTATATATGTACCGCTTTCGGTCGGACCGTTTTTCGGTTACTCCCTTTAGTACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt74_E6_AOS_rc|1
GCTTTCGGTCGGACCGTTTTTCGGTTACTCCCTTTAGTACAAGCATAATAATTGTTACTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt52_E6_AOS_rc|1
GTTACTCCCTTTAGTACAAGCATAATAATTGTTACTAATAACCACAAAGAATGTAAGGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt45_E6_AOS_rc|1
CCTTTAGTACAAGCATAATAATTGTTACTAATAACCACAAAGAATGTAAGGTGTGCAGCG
>HPV91_Alpha_22023568_nt38_E6_AOS_rc|1
TACAAGCATAATAATTGTTACTAATAACCACAAAGAATGTAAGGTGTGCAGCGACCGGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt31_E6_AOS_rc|1
ATAATAATTGTTACTAATAACCACAAAGAATGTAAGGTGTGCAGCGACCGGTTTCGGTCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt24_E6_AOS_rc|1
TTGTTACTAATAACCACAAAGAATGTAAGGTGTGCAGCGACCGGTTTCGGTCTGCAGGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt17_E6_AOS_rc|1
TAATAACCACAAAGAATGTAAGGTGTGCAGCGACCGGTTTCGGTCTGCAGGTGTGCCTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt10_E6_AOS_rc|1
CACAAAGAATGTAAGGTGTGCAGCGACCGGTTTCGGTCTGCAGGTGTGCCTAACACAGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt66_E6_AOS_rc|1
GACAGCACTTCTGATGTTGTAAGCTCCTTGGTGCAATATATGCATGTAAGCCGTAGATCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt59_E6_AOS_rc|1
CTTCTGATGTTGTAAGCTCCTTGGTGCAATATATGCATGTAAGCCGTAGATCCTCTAAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt52_E6_AOS_rc|1
TGTTGTAAGCTCCTTGGTGCAATATATGCATGTAAGCCGTAGATCCTCTAAATCCACGTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt242_E6_AOS_rc|1
TAATAAGCAATTCTAAATAGGCACTCCTGTTTCATATTCCACTGTGGGTGCATAGCTAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt267_E6_AOS_rc|1
AGTGGTTTATGGCACAGGTAGCATCTAATAAGCAATTCTAAATAGGCACTCCTGTTTCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt235_E6_AOS_rc|1
CAATTCTAAATAGGCACTCCTGTTTCATATTCCACTGTGGGTGCATAGCTAGAATACTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt183_E6_AOS_rc|1
GAATACTGCCAGTATCTAAATTGCCTTAGTTTCCCGGCTGCTTCCAGACACGCAGGACAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt167_E6_AOS_rc|1
TAAATTGCCCTTAGTTTCCCGGCTGCTTCCAGACACGCAGGACATGCTGCAAATGGAAAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt160_E6_AOS_rc|1
CCTTAGTTTCCCGGCTGCTTCCAGACACGCAGGACATGCTGCAAATGGAAAATGCTTTCT
>HPV58_Alpha_222386_nt279_E6_AOS_rc|1
TATACTCACTTATTTTAGATAGCAATCGTAAGCACACTTTACATACTGCAAATGGATTTC
>HPV58_Alpha_222386_nt272_E6_AOS_rc|1
ACTTATTTTAGATAGCAATCGTAAGCACACTTTACATACTGCAAATGGATTTCATCTCT
>HPV58_Alpha_222386_nt265_E6_AOS_rc|1
TTAGATAGCAATCGTAAGCACACTTTACATACTGCAAATGGATTTCATCTCTATACACT
>HPV58_Alpha_222386_nt175_E6_AOS_rc|1
ACCTCAGATCGCTGCAAAGTCTTTTGCATTCAACGCATTTCAATTTCGATTTTCATGCACA
>HPV58_Alpha_222386_nt168_E6_AOS_rc|1
ATCGCTGCAAAGTCTTTTGCATTCAACGCATTTCAATTTCGATTTTCATGCACAGATGTCT
>HPV58_Alpha_222386_nt161_E6_AOS_rc|1
CAAAGTCTTTTGCATTCAACGCATTTCAATTTCGATTTTCATGCACAGATGTCTCCAACGC
>HPV58_Alpha_222386_nt154_E6_AOS_rc|1
TTTTTGCATTCAACGCATTTCAATTTCGATTTTCATGCACAGATGTCTCCAACGCCTGACAC
>HPV58_Alpha_222386_nt147_E6_AOS_rc|1

ATTCAACGCATTTCAATTCGATTTTCATGCACAGATGTCTCCAACGCCTGACACAAATCAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt350_E6_AOS_rc|2
AGCGCCCTTTCCAGGTGTCGCCTAGTTTAATAAATCTTGCCCTTTTCCAAAATGTGCCGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt349_E6_AOS_rc|1
AAACTTACATCTAACAGTTAAACAACACAAAAGACTACCTGAGTCCCTTTCTATAGCATC
>HPV92_Beta_27531786_nt342_E6_AOS_rc|1
CATCTAACAGTTAAACAACACAAAAGACTACCTGAGTCCCTTTCTATAGCATCCTTTTCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt112_E6_AOS_rc|1
TAAAATGTCCCTCCAATGGAATATCTAACTGTCTTCTAAGTTCCTGCACCGAAGGAGGTTT
>HPV75_Beta_2911544_nt470_E6_AOS_rc|1
TTTTTCAAATATATCCAAACGTTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTAT
>HPV75_Beta_2911544_nt463_E6_AOS_rc|1
AATATATCCAAACGTTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTATACTTTCT
>HPV75_Beta_2911544_nt456_E6_AOS_rc|1
CCAAACGTTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTATACTTTCTGCTGCTC
>HPV75_Beta_2911544_nt449_E6_AOS_rc|1
TTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTATACTTTCTGCTGCTCTGCCTTC
>HPV75_Beta_2911544_nt441_E6_AOS_rc|1
AAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTATACTTTCTGCTGCTCTGCCTTCTATTTCTA
>HPV76_Beta_2911551_nt474_E6_AOS_rc|1
CAAGTTTTTCAAATAAATCCAGGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCG
>HPV76_Beta_2911551_nt467_E6_AOS_rc|1
TTCAAATAAATCCAGGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCGCTATATT
>HPV76_Beta_2911551_nt460_E6_AOS_rc|1
AAATCCAGGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCGCTATATTTTTCTGCA
>HPV76_Beta_2911551_nt453_E6_AOS_rc|1
GGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCGCTATATTTTCTGCAGCTCTGC
>HPV76_Beta_2911551_nt446_E6_AOS_rc|1
CAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCGCTATATTTTCTGCAGCTCTGCCTTCTAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt161_E6_AOS_rc|1
TCAGCAGTAGTTAATTCCTTTGTGCAGAACACACACAGTAGGCGAAGGTCGTCGAACGGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt300_E6_AOS_rc|1
GCCGTCCACGTAGTATGAATACTCCCAGTGTTTCAGGCGCCGCTCAATGCCATATAGCAG
>HPV77_Alpha_2911558_nt293_E6_AOS_rc|1
ACGTAGTATGAATACTCCCAGTGTTTCAGGCGCCGCTCAATGCCATATAGCAGTAAACAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt198_E6_AOS_rc|1
CACCACATTTAATTCCTCTAATTGTAAATGCTGCCAGTTCAGCAGTAGTTAATTCCTTTTGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt191_E6_AOS_rc|1
TTTAATTCCTCTAATTGTAAATGCTGCCAGTTCAGCAGTAGTTAATTCCTTTTGTGCAGAAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt184_E6_AOS_rc|1
CTCTAATTGTAAATGCTGCCAGTTCAGCAGTAGTTAATTCCTTTTGTGCAGAACACACACA
>HPV77_Alpha_2911558_nt154_E6_AOS_rc|1
TAGTTAATTCCTTTTGTGCAGAACACACACAGTAGGCGAAGGTCGTCGAACGGTATTCAC
>HPV80_Beta_2911565_nt422_E6_AOS_rc|1
AACAGCTTTTCGCTCAACTACCTCAATCTCCCAACCACACACTGACTGTTCAATAAATGT
>HPV80_Beta_2911565_nt318_E6_AOS_rc|1
AAGCAAAGACAAAGTCTTCTTCAGTCCAAATCAACTGCAAACATTTGCGATCAAACTTA
>HPV80_Beta_2911565_nt311_E6_AOS_rc|1
GACAAAGTCTTCTTCAGTCCAAATCAACTGCAAACATTTGCGATCAAACTTACTAACTC
>HPV80_Beta_2911565_nt303_E6_AOS_rc|1
CTTCTTCAGTCCAAATCAACTGCAAACATTTGCGATCAAACTTACTAACTCTATATAAG
>HPV80_Beta_2911565_nt291_E6_AOS_rc|1
AAATCAACTGCAAACATTTGCGATCAAACTTACTAACTCTATATAAGTTAAAAATCTTT
>HPV80_Beta_2911565_nt282_E6_AOS_rc|1
GCAAACATTTGCGATCAAACTTACTAACTCTATATAAGTTAAAAATCTTTGACAAAACC

>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt530_E6_AOS_rc|1
CTATCTAATTTTTCAATGGTGCTCAAAAATGATAAGCAAGTCTGACACCTGATTTTCAAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt435_E6_AOS_rc|1
TCTACCTAAACTGTTTGCTGGTAATATTCATTGAATTCGAAAGTTGCAGTAGCTACACA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt428_E6_AOS_rc|1
AAACTGTTTGCTGGTAATATTCATTGAATTCGAAAGTTGCAGTAGCTACACAACAACTT
>HPV65_Gamma_312100_nt417_E6_AOS_rc|1
TATTAAGTAGCAGGCCTGGTCAGAGTACAGCAAGTCTAATTTCTCAACAATGTCTAGTAG
>HPV65_Gamma_312100_nt410_E6_AOS_rc|1
TAGCAGGCCTGGTCAGAGTACAGCAAGTCTAATTTCTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt403_E6_AOS_rc|1
CCTGGTCAGAGTACAGCAAGTCTAATTTCTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATA
>HPV65_Gamma_312100_nt396_E6_AOS_rc|1
AGAGTACAGCAAGTCTAATTTCTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATATACATCT
>HPV65_Gamma_312100_nt389_E6_AOS_rc|1
AGCAAGTCTAATTTCTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATATACATCTGATGCAA
>HPV65_Gamma_312100_nt382_E6_AOS_rc|1
CTAATTTCTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATATACATCTGATGCAAATCTCCT
>HPV65_Gamma_312100_nt375_E6_AOS_rc|1
CTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATATACATCTGATGCAAATCTCCTTAATTTT
>HPV65_Gamma_312100_nt368_E6_AOS_rc|1
ATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATATACATCTGATGCAAATCTCCTTAATTTTCCTTTGA
>HPV11_Alpha_333026_nt452_E6_AOS_rc|1
CAACGACCCCTCCACTGGTTATTTAGTTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTT
>HPV11_Alpha_333026_nt445_E6_AOS_rc|1
CCTTCCACTGGTTATTTAGTTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTTTT
>HPV11_Alpha_333026_nt438_E6_AOS_rc|1
CTGGTTATTTAGTTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTTTCTATTTT
>HPV11_Alpha_333026_nt431_E6_AOS_rc|1
TTTAGTTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTTTCTATTTACACAAC
>HPV11_Alpha_333026_nt373_E6_AOS_rc|1
ACGGCTTGACACAGGTAACAACGAATTAACACTTTTAAAATATCTTCATTGGTTTCTT
>HPV11_Alpha_333026_nt295_E6_AOS_rc|1
ATGCAGCATAATTAAAGTGTCTATATTGGTTAATTTTCCCTTGCAGTTCTAAGCAACAGG
>HPV31_Alpha_333048_nt146_E6_AOS_rc|1
CAGTAGACACAATTCAATCTTAGTTCATCGTAGGGTATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCA
>HPV31_Alpha_333048_nt267_E6_AOS_rc|1
TACTTTTGAATAAAATCTTAAACATTTTGTACACACTCCGTGTGGTGTGTCGTCCTATA
>HPV31_Alpha_333048_nt139_E6_AOS_rc|1
CACAATTCATCTTAGTTCATCGTAGGGTATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCATGCAATT
>HPV31_Alpha_333048_nt132_E6_AOS_rc|1
CAATCTTAGTTCATCGTAGGGTATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCATGCAATTTCCGAGG
>HPV31_Alpha_333048_nt125_E6_AOS_rc|1
AGTTCATCGTAGGGTATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCATGCAATTTCCGAGGTCTTTCT
>HPV31_Alpha_333048_nt118_E6_AOS_rc|1
CGTAGGGTATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCATGCAATTTCCGAGGTCTTTCTGCAGGAT
>HPV31_Alpha_333048_nt111_E6_AOS_rc|1
TATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCATGCAATTTCCGAGGTCTTTCTGCAGGATTTTTGAA
>HPV33_Alpha_333049_nt300_E6_AOS_rc|1
TATACAGAATAATTATAATGTCTATATTCACTAATTTTAGATAAGAACCGCAAACACAGT
>HPV33_Alpha_333049_nt279_E6_AOS_rc|1
CTATATTCACATAATTTTAGATAAGAACCGCAAACACAGTTTACATATTCCAAATGGATTT
>HPV33_Alpha_333049_nt272_E6_AOS_rc|1
CACTAATTTTAGATAAGAACCGCAAACACAGTTTACATATTCCAAATGGATTTCCCTCTC
>HPV33_Alpha_333049_nt265_E6_AOS_rc|1

TTTAGATAAGAACCGCAAACACAGTTTACATATTCCAAATGGATTTCCCTCTCTATATAC
>HPV33_Alpha_333049_nt258_E6_AOS_rc|1
AAGAACCGCAAACACAGTTTACATATTCCAAATGGATTTCCCTCTCTATATACAACTGTT
>HPV33_Alpha_333049_nt251_E6_AOS_rc|1
GCAAACACAGTTTACATATTCCAAATGGATTTCCCTCTCTATATACAACTGTTAAATCTG
>HPV33_Alpha_333049_nt174_E6_AOS_rc|1
ACCTCAGATCGTTGCAAAGGTTTTTTCATTCACGCACTGTAGTTCAATGTTGTGTATA
>HPV33_Alpha_333049_nt167_E6_AOS_rc|1
ATCGTTGCAAAGGTTTTTTCATTCACGCACTGTAGTTCAATGTTGTGTATAGTTGTCT
>HPV33_Alpha_333049_nt160_E6_AOS_rc|1
CAAAGGTTTTTTCATTCACGCACTGTAGTTCAATGTTGTGTATAGTTGTCTCCAATGC
>HPV35_Alpha_333050_nt466_E6_AOS_rc|1
CAGGACATACACCGACCTGTCCACCGTCCACCGATGTTATGGAATCGTTTTTTTCTTCT
>HPV35_Alpha_333050_nt445_E6_AOS_rc|1
CACCGTCCACCGATGTTATGGAATCGTTTTTTTCTTCTAAATGTCTTTGCTTTTCAACT
>HPV35_Alpha_333050_nt259_E6_AOS_rc|1
TAAATTTTAAACATTTTCATGCATACTCCATATGGCTGGCCTTCTCTATATACTATACAC
>HPV35_Alpha_333050_nt248_E6_AOS_rc|1
ACATTTTCATGCATACTCCATATGGCTGGCCTTCTCTATATACTATACACAAATCATAGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt240_E6_AOS_rc|1
TGCATACTCCATATGGCTGGCCTTCTCTATATACTATACACAAATCATAGCATGCAAAGT
>HPV47_Beta_333062_nt243_E6_AOS_rc|1
GGTATGTCTAACAATTGAGCTAAGCCTCTAATAGTAGTAGGTAGTTCTAGCTTTTCCTCT
>HPV47_Beta_333062_nt251_E6_AOS_rc|1
CTACTAAAGGTATGTCTAACAATTGAGCTAAGCCTCTAATAGTAGTAGGTAGTTCTAGCT
>HPV47_Beta_333062_nt236_E6_AOS_rc|1
CTAACAATTGAGCTAAGCCTCTAATAGTAGTAGGTAGTTCTAGCTTTTCCTCTTTAACTG
>HPV47_Beta_333062_nt229_E6_AOS_rc|1
TTGAGCTAAGCCTCTAATAGTAGTAGGTAGTTCTAGCTTTTCCTCTTTAACTGTAGTCTG
>HPV47_Beta_333062_nt222_E6_AOS_rc|1
AAGCCTCTAATAGTAGTAGGTAGTTCTAGCTTTTCCTCTTTAACTGTAGTCTGTTCCAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt456_E6_AOS_rc|1
CGTCCACTGACACAATATAAATTGAAATCTTGTACCTGTATCAATATGATGGTTTTTTTC
>HPV42_Alpha_333211_nt449_E6_AOS_rc|1
TGACACAATATAAATTGAAATCTTGTACCTGTATCAATATGATGGTTTTTTTCGCTCTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt442_E6_AOS_rc|1
ATATAAATTGAAATCTTGTACCTGTATCAATATGATGGTTTTTTTCGCTCTGTGATAACG
>HPV39_Alpha_333245_nt174_E6_AOS_rc|1
CGGTTTGCTGTAGTGGTCGTCTGCAATAGACACAGGCTATTGTAATGTCCTGCAAGGTGG
>HPV39_Alpha_333245_nt162_E6_AOS_rc|1
GTGGTCGTCTGCAATAGACACAGGCTATTGTAATGTCCTGCAAGGTGGTGTCCAGCGTTG
>HPV93_Beta_37089393_nt376_E6_AOS_rc|1
GGCGACACCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTTCCTTAACTTCTATTGCCCAGC
>HPV93_Beta_37089393_nt369_E6_AOS_rc|1
CCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTTCCTTAACTTCTATTGCCCAGCCAACAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt362_E6_AOS_rc|1
ATAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTTCCTTAACTTCTATTGCCCAGCCAACAACACTATCA
>HPV93_Beta_37089393_nt355_E6_AOS_rc|1
CAGAGAGTGGCTTTTTTTTCCTTAACTTCTATTGCCCAGCCAACAACACTATCATTCAAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt348_E6_AOS_rc|1
TGGCTTTTTTTTCCTTAACTTCTATTGCCCAGCCAACAACACTATCATTCAAGTAATTATC
>HPV12_Beta_396910_nt614_E6_AOS_rc|1
TTACCGATCATTATTTCAGATACAAATGCTTGCACTGTCTGCAAATTCCTTCCACCTGTC
>HPV12_Beta_396910_nt607_E6_AOS_rc|1
TCATTATTTCAGATACAAATGCTTGCACTGTCTGCAAATTCCTTCCACCTGTCTCTAACC

>HPV12_Beta_396910_nt474_E6_AOS_rc|1
ACCTTATCTTTAAGTCAAATATAGATTTTCCAGTAGCAAGCTCTATATCTCTACCTAGCA
>HPV14D_Beta_396918_nt260_E6_AOS_rc|1
CAAATATAGTTGCAGGTAATGGTGGCTCTATAAAAGAAGATTTGGTTTCTGTGCTATCAC
>HPV14D_Beta_396918_nt380_E6_AOS_rc|1
AAATTAGACTTAGTTTTTCTCATCAAATTCACAGACTTCTAAATGAGTCAAAAAATTAC
>HPV14D_Beta_396918_nt302_E6_AOS_rc|1
CTAAACAATCATCTAGTGGTATTTCCAATAGGTTTGCTAAGCCAAATATAGTTGCAGGTA
>HPV14D_Beta_396918_nt287_E6_AOS_rc|1
GTGGTATTTCCAATAGGTTTGCTAAGCCAAATATAGTTGCAGGTAATGGTGGCTCTATAA
>HPV14D_Beta_396918_nt280_E6_AOS_rc|1
TTCCAATAGGTTTGCTAAGCCAAATATAGTTGCAGGTAATGGTGGCTCTATAAAAGAAGA
>HPV14D_Beta_396918_nt246_E6_AOS_rc|1
GGTAATGGTGGCTCTATAAAAGAAGATTTGGTTTCTGTGCTATCACAATAGTTACTCTTA
>HPV14D_Beta_396918_nt239_E6_AOS_rc|1
GTGGCTCTATAAAAGAAGATTTGGTTTCTGTGCTATCACAATAGTTACTCTTAGGAGAAG
>HPV15_Beta_396924_nt436_E6_AOS_rc|1
ATAATAATATCTCCAACAGGCTTCTGTTCTACTATCTATTTCCCAACTACACACCGAC
>HPV15_Beta_396924_nt447_E6_AOS_rc|1
ATTTGCAGCGAATAATAATATCTCCAACAGGCTTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAAC
>HPV15_Beta_396924_nt429_E6_AOS_rc|1
TATCTCCAACAGGCTTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAACTACACACCGACTGTTTCAT
>HPV15_Beta_396924_nt422_E6_AOS_rc|1
AACAGGCTTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAACTACACACCGACTGTTTCATAAAAGTT
>HPV15_Beta_396924_nt415_E6_AOS_rc|1
TTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAACTACACACCGACTGTTTCATAAAAGTTAGAAAAT
>HPV17_Beta_396932_nt447_E6_AOS_rc|1
ACTTGCAGCGAATAGGTATTTCCCCTATTGGCTTGTGCTCTATTTCTCTAACTCCCTTC
>HPV17_Beta_396932_nt527_E6_AOS_rc|1
ATTGCGTCTAACCTTATGAACTGCTGATGTCTATAACAAGTGTCTAACTTCTCTAGTAA
>HPV17_Beta_396932_nt519_E6_AOS_rc|1
TAACCTTATGAACTGCTGATGTCTATAACAAGTGTCTAACTTCTCTAGTAAATCCAATT
>HPV17_Beta_396932_nt440_E6_AOS_rc|2
GCGAATAGGTATTTCCCCTATTGGCTTGTGCTCTATTTCTCTAACTCCCTTCCACTCAC
>HPV17_Beta_396932_nt432_E6_AOS_rc|1
GTATTTCCCCTATTGGCTTGTGCTCTATTTCTCTAACTCCCTTCCACTCACTGATTGTT
>HPV17_Beta_396932_nt422_E6_AOS_rc|1
TATTGGCTTGTGCTCTATTTCTCTAACTCCCTTCCACTCACTGATTGTTTCATAAACTT
>HPV17_Beta_396932_nt288_E6_AOS_rc|1
TTAACTGCAAACTTTTAAATCAAACGCCACCAATTCTATGTAAGCTAAAAACCTATTAC
>HPV17_Beta_396932_nt281_E6_AOS_rc|2
CAAACCTTTTAAATCAAACGCCACCAATTCTATGTAAGCTAAAAACCTATTACAAAATCT
>HPV19_Beta_396940_nt491_E6_AOS_rc|1
AAAGACAGATTTACCTGTTACAAACTCAATTTCTCTACCTGTTACAGTATGCTCATAGAA
>HPV19_Beta_396940_nt484_E6_AOS_rc|1
GATTTACCTGTTACAAACTCAATTTCTCTACCTGTTACAGTATGCTCATAGAACTCATTA
>HPV19_Beta_396940_nt474_E6_AOS_rc|1
TTACAAACTCAATTTCTCTACCTGTTACAGTATGCTCATAGAACTCATTAATTCAAATG
>HPV19_Beta_396940_nt361_E6_AOS_rc|2
CAAATCAAACCTAAGTCTTTTATCATCAAATTCGCACGCTTCTAAATGTGATAAAAACTTG
>HPV19_Beta_396940_nt354_E6_AOS_rc|1
AACTAAGTCTTTTATCATCAAATTCGCACGCTTCTAAATGTGATAAAAACTTGCCACAGA
>HPV19_Beta_396940_nt288_E6_AOS_rc|1
AAGGCACTAAACAGTCATCCAACGGTATTTCTAGCAATGCTGCTAATCCAGCAATTGTTG
>HPV25_Beta_396948_nt456_E6_AOS_rc|1

CGTCTTCAATTTCCCTACCTGTTACAGTGCTTTTCGTAAAATTCATTAAATTCAAATGTGG
>HPV25_Beta_396948_nt469_E6_AOS_rc|1
GATTTACCTGTAACGTCTTCAATTTCCCTACCTGTTACAGTGCTTTTCGTAAAATTCATTA
>HPV25_Beta_396948_nt345_E6_AOS_rc|1
AAATCAAACCTAAGTCTTTTCTCATCAAACCTCACAGATCTCTAAATATGTTAGAAAGTTGC
>HPV25_Beta_396948_nt338_E6_AOS_rc|1
ACTAAGTCTTTTCTCATCAAACCTCACAGATCTCTAAATATGTTAGAAAGTTGCCACAGAA
>HPV25_Beta_396948_nt266_E6_AOS_rc|1
TAAGCAATCATCTAATGGAATTTCCAATAAAGCTGCTAGATCAGTAATTGTTGCTGGCAA
>HPV25_Beta_396948_nt259_E6_AOS_rc|1
TCATCTAATGGAATTTCCAATAAAGCTGCTAGATCAGTAATTGTTGCTGGCAATGGTGGC
>HPV25_Beta_396948_nt252_E6_AOS_rc|1
ATGGAATTTCCAATAAAGCTGCTAGATCAGTAATTGTTGCTGGCAATGGTGGCTGTATAA
>HPV25_Beta_396948_nt212_E6_AOS_rc|1
TGGCAATGGTGGCTGTATAACCTGCGCTTGCTCTGGTGGTCCTATGCTCTGTTTCAGCATT
>HPV27_Alpha_396964_nt213_E6_AOS_rc|1
CACTACAGACAGTTCTTTTATTGCAAATGCCAATACATCAGCGTCTGAAAGCGCTCGTCT
>HPV27_Alpha_396964_nt199_E6_AOS_rc|1
CTTTTATTGCAAATGCCAATACATCAGCGTCTGAAAGCGCTCGTCTGCAATACACGCAGA
>HPV30_Alpha_396973_nt133_E6_AOS_rc|1
GCTGTAGCTCCAGCAACGATGTTTCTTGACCTCACAAAGATGGTGCACAGTACGTGGGC
>HPV30_Alpha_396973_nt140_E6_AOS_rc|1
CACTGTAGCTGTAGCTCCAGCAACGATGTTTCTTGACCTCACAAAGATGGTGCACAGTA
>HPV3_Alpha_397005_nt164_E6_AOS_rc|1
GTCAGCTGTTTCGTACAGAATATGCAGTGCAGGCGAAGGTCGTCAAATCCTATTCGGTG
>HPV3_Alpha_397005_nt205_E6_AOS_rc|1
CATTCAGTTCCCGTAATGCAAATGCTTGTAGTTCAGTTGTAGTCAGCTGTTTCGTACAGA
>HPV3_Alpha_397005_nt196_E6_AOS_rc|1
CCCGTAATGCAAATGCTTGTAGTTCAGTTGTAGTCAGCTGTTTCGTACAGAATATGCAGT
>HPV3_Alpha_397005_nt189_E6_AOS_rc|1
TGCAAATGCTTGTAGTTCAGTTGTAGTCAGCTGTTTCGTACAGAATATGCAGTGCAGGCG
>HPV3_Alpha_397005_nt173_E6_AOS_rc|1
TCAGTTGTAGTCAGCTGTTTCGTACAGAATATGCAGTGCAGGCGAAGGTCGTCAAATCCT
>HPV3_Alpha_397005_nt148_E6_AOS_rc|1
AGAATATGCAGTGCAGGCGAAGGTCGTCAAATCCTATTCCGGTGTTTCTGCACAGTAGAA
>HPV40_Alpha_397014_nt310_E6_AOS_rc|1
CTTCCACGGTGGTGCATAGGCTGCGTATCTAAAGTTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGT
>HPV40_Alpha_397014_nt303_E6_AOS_rc|1
GGTTGGTGCATAGGCTGCGTATCTAAAGTTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGTGCAGGTC
>HPV40_Alpha_397014_nt296_E6_AOS_rc|2
GCATAGGCTGCGTATCTAAAGTTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGTGCAGGTCCAGGCAC
>HPV40_Alpha_397014_nt289_E6_AOS_rc|1
CTGCGTATCTAAAGTTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGTGCAGGTCCAGGCACCGTGGAC
>HPV40_Alpha_397014_nt282_E6_AOS_rc|1
TCTAAAGTTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGTGCAGGTCCAGGCACCGTGGACATGCGGC
>HPV40_Alpha_397014_nt275_E6_AOS_rc|1
TTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGTGCAGGTCCAGGCACCGTGGACATGCGGCGTGTGA
>HPV45_Alpha_397022_nt498_E6_AOS_rc|1
TCTGCGAAGTCTTCTTGCCGTGCGTGCACAAACATGTATTACACTGCCCTCGGTACTG
>HPV52_Alpha_397038_nt368_E6_AOS_rc|1
GGCGTTTGACAAATTATACATCTAATAGTTATTTCACTTAATGGTTTTTTTACCCTCTCT
>HPV52_Alpha_397038_nt361_E6_AOS_rc|1
GACAAATTATACATCTAATAGTTATTTCACTTAATGGTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATG
>HPV52_Alpha_397038_nt354_E6_AOS_rc|1
TATACATCTAATAGTTATTTCACTTAATGGTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCC

>HPV52_Alpha_397038_nt347_E6_AOS_rc|1
CTAATAGTTATTTACTTAATGGTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCCATACAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt340_E6_AOS_rc|1
TTATTTTACTTAATGGTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCCATACAGTGAATATT
>HPV52_Alpha_397038_nt333_E6_AOS_rc|1
ACTTAATGGTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCCATACAGTGAATATTGATAATG
>HPV52_Alpha_397038_nt326_E6_AOS_rc|1
GGTTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCCATACAGTGAATATTGATAATGCCTATAT
>HPV52_Alpha_397038_nt319_E6_AOS_rc|1
TTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCCATACAGTGAATATTGATAATGCCTATATTTCACTTA
>HPV52_Alpha_397038_nt305_E6_AOS_rc|1
AATGTTTTCCCATACAGTGAATATTGATAATGCCTATATTTCACTTATCTTAGATAAAAAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt298_E6_AOS_rc|1
TCCCATACAGTGAATATTGATAATGCCTATATTTCACTTATCTTAGATAAAAAAGCGTAGGC
>HPV56_Alpha_397053_nt268_E6_AOS_rc|2
CTTTACTATAAAACAATAAACAATACTCTGCACACTGCATAAGGAAAATCATCCCTATACA
>HPV56_Alpha_397053_nt261_E6_AOS_rc|2
ATAAAACAATAAACAATACTCTGCACACTGCATAAGGAAAATCATCCCTATACACTAATTT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt188_E6_AOS_rc|1
AGCATGAGTGTGCCACCGCGTAGCTCTCTTACTTTAATCTCTCTCAATAGGCATGCTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt205_E6_AOS_rc|1
TTCTACTGTTATTCCAAAGCATGAGTGCTGCCACCGCGTAGCTCTCTTACTTTAATCTC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt198_E6_AOS_rc|1
GTTATTCCAAAGCATGAGTGCTGCCACCGCGTAGCTCTCTTACTTTAATCTCTCTCAAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt304_E6_AOS_rc|1
TATCTGCATATGCTGCGTAGTCAAAGTGCCTATATTGACTTATTTTTCCATGAAACTGTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt316_E6_AOS_rc|1
CTTCTTCTACAGTATCTGCATATGCTGCGTAGTCAAAGTGCCTATATTGACTTATTTTTTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt297_E6_AOS_rc|1
ATATGCTGCGTAGTCAAAGTGCCTATATTGACTTATTTTTCCATGAAACTGTAGACAGGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt290_E6_AOS_rc|1
GCGTAGTCAAAGTGCCTATATTGACTTATTTTTCCATGAAACTGTAGACAGGCCAAGCAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt434_E6_AOS_rc|1
TGAAAGTGGATTAGGCCTGTCAAGATACTCCTTTTCTTGGTATGTTAACGGTTTATAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt427_E6_AOS_rc|1
GGATTAGGCCTGTCACAAGATACTCCTTTTCTTGGTATGTTAACGGTTTATAGCATGCAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt319_E6_AOS_rc|1
CTGTTGGTCCGAAGCACGAATATTGCCACCGCCGAGCTCCCGTACTTTAGCTTCTCTGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt102_E6_AOS_rc|1
CAGCAAAAACAAATTGGTAGGATTTGCTGGCCCCAGCGACATCACTGCTGTGCTGACCAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt360_E6_AOS_rc|2
ACAGCATAAACATCTTACACATATATCCCTGATTTTTTGTCTACTAAATCTTCCAGTCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt390_E6_AOS_rc|1
AAGTTTTTCTACTATGTCTAATAGTTTAAGACAGCATAAACATCTTACACATATATCCCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt383_E6_AOS_rc|1
TCTACTATGTCTAATAGTTTAAGACAGCATAAACATCTTACACATATATCCCTGATTTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt376_E6_AOS_rc|1
TGTCTAATAGTTTAAGACAGCATAAACATCTTACACATATATCCCTGATTTTTTGTCTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt369_E6_AOS_rc|1
TAGTTTAAGACAGCATAAACATCTTACACATATATCCCTGATTTTTTGTCTACTAAATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt353_E6_AOS_rc|1
AAACATCTTACACATATATCCCTGATTTTTTGTCTACTAAATCTTCCAGTCCAGTAGCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt346_E6_AOS_rc|1
TTACACATATATCCCTGATTTTTTGTCTACTAAATCTTCCAGTCCAGTAGCATATACAG
>HPV94_Alpha_40804528_nt175_E6_AOS_rc|1

CTCTTAATGCAAATGCAGTCAATTCGGCTACGGTCAGCTGTTTGGTGCAGAACACGCAGC
>HPV94_Alpha_40804528_nt183_E6_AOS_rc|1
ATTCAATTCTCTTAATGCAAATGCAGTCAATTCGGCTACGGTCAGCTGTTTGGTGCAGAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt138_E6_AOS_rc|1
CTGTTTGGTGCAGAACACGCAGCACAGGCGAAGGTCCTCAAATGATATTCCACAGTTCCT
>HPV94_Alpha_40804528_nt130_E6_AOS_rc|1
TGCAGAACACGCAGCACAGGCGAAGGTCCTCAAATGATATTCCACAGTTCCTACACAATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt141_E6_AOS_rc|2
ACAGCTTATTTCTATATCTTGCAGTGATGTGTCCAGTGTGTTGCATAGGTCTGGTAGTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt404_E6_AOS_rc|1
TGTTTTAGTTTTTCTGCCGGACATAAAGGTTTTTGACACCGTAAACACCTTATTAATATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt397_E6_AOS_rc|1
GTTTTTCTGCCGGACATAAAGGTTTTTGACACCGTAAACACCTTATTAATATATCATATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt312_E6_AOS_rc|1
CGTTTCCCCATACACAGAGTCGCTATAATATCTTAGTTCTCTTATTTTGAATAAAACAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt151_E6_AOS_rc|1
TACAATATACACAGCTTATTTCTATATCTTGCAGTGATGTGTCCAGTGTGTTGCATAGGT
>HPV96_Beta_50253426_nt260_E6_AOS_rc|1
AAATGTCCTAGAAACGCAGGCGGTTACTTGTTTATGAGTGGCAGGTTGTAATTGCCAACA
>HPV96_Beta_50253426_nt253_E6_AOS_rc|1
CTAGAAACGCAGGCGGTTACTTGTTTATGAGTGGCAGGTTGTAATTGCCAACAACCTCTC
>HPV96_Beta_50253426_nt225_E6_AOS_rc|1
GAGTGGCAGGTTGTAATTGCCAACAACCTCTCAAGATAAAACTTTTGGCAACCGAGAGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt218_E6_AOS_rc|1
AGGTTGTAATTGCCAACAACCTCTCAAGATAAAACTTTTGGCAACCGAGAGAGTTGCGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt210_E6_AOS_rc|1
ATTGCCAACAACCTCTCAAGATAAAACTTTTGGCAACCGAGAGAGTTGCGAAACTTACCG
>HPV96_Beta_50253426_nt141_E6_AOS_rc|2
CCAAAGTTGGCAGACGTTTTTGGCGGGCTTTTCTTGGCAGGTTTAAACTGCTTTTGGCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt116_E6_AOS_rc|1
GCTTTTCTTGGCAGGTTTAAACTGCTTTTGGCAAAGCCACTGGATCGGTGTTGTTCCAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt109_E6_AOS_rc|1
TTGGCAGGTTTAAACTGCTTTTGGCAAAGCCACTGGATCGGTGTTGTTCCAGGAGTGACT
>HPV96_Beta_50253426_nt102_E6_AOS_rc|1
GTTTAAACTGCTTTTGGCAAAGCCACTGGATCGGTGTTGTTCCAGGAGTGACTGCCAGGA
>HPV96_Beta_50253426_nt94_E6_AOS_rc|1
TGCTTTTGGCAAAGCCACTGGATCGGTGTTGTTCCAGGAGTGACTGCCAGGATCAGATAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt192_E6_AOS_rc|1
GCCCCGTAGCTTGAGTGGCTCCAGTGCCGTAGCTCTCGCACCTTTGCTGCTTTACGTAGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt257_E6_AOS_rc|1
TCAGGCACATATGGCATCGTATATACAGCTGTGCCAGTGGTGTGTTTTGTTTCTTCTCTTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt250_E6_AOS_rc|1
CATATGGCATCGTATATACAGCTGTGCCAGTGGTGTGTTTTGTTTCTTCTTCTACTGTTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt185_E6_AOS_rc|1
AGCTTGAGTGGCTCCAGTGCCGTAGCTCTCGCACCTTTGCTGCTTTACGTAGACACTGTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt178_E6_AOS_rc|1
GTGGCTCCAGTGCCGTAGCTCTCGCACCTTTGCTGCTTTACGTAGACACTGTGCACACGC
>HPV59_Alpha_557236_nt372_E6_AOS_rc|1
CTTCTTTTTTTCAGTTATATGCTTTAATTATCTGTTGGACATAGAGGTTTTAGGCATCTA
>HPV59_Alpha_557236_nt365_E6_AOS_rc|1
TTTCAGTTATATGCTTTAATTATCTGTTGGACATAGAGGTTTTAGGCATCTATAACAGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt440_E6_AOS_rc|1
ACGTACAATTTAGCTTTATGAACCGTGCTTGGTTAGTATATGTTTTACCTTTTCTACTT
>HPV57_Alpha_60882_nt499_E6_AOS_rc|1
ATGTCCTCAAGGCTGGGGCGTTCTCCATGCATCTTGGCGCACAGTTCATGCAATGTCCGG

>HPV57_Alpha_60882_nt506_E6_AOS_rc|1
TAGTGTGATGTCCCTCAAGGCTGGGGCGTTCTCCATGCATCTTGGCGCACAGTTCATGCAA
>HPV57_Alpha_60882_nt492_E6_AOS_rc|1
CAAGGCTGGGGCGTTCTCCATGCATCTTGGCGCACAGTTCATGCAATGTCCGGTCCACTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt275_E6_AOS_rc|1
CGTCTATATTCTATTATTTTTGAATAGAATATTATACATTTTTTTACATGCACCATATGCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt268_E6_AOS_rc|1
ATTCTATTATTTTTGAATAGAATATTATACATTTTTTTACATGCACCATATGCACTATCAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt261_E6_AOS_rc|2
TATTTTTGAATAGAATATTATACATTTTTTTACATGCACCATATGCACTATCATTTCTATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt254_E6_AOS_rc|1
GAATAGAATATTATACATTTTTTTACATGCACCATATGCACTATCATTTCTATACACTATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt498_E6_AOS_rc|1
TTACACCTGGGTTTCACTACGTTGTCTTGGTGGTTTTCTGCAATTTGCACACTGTCCCGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt491_E6_AOS_rc|1
TGGGTTTCACTACGTTGTCTTGGTGGTTTTCTGCAATTTGCACACTGTCCCGTCCAGCGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt263_E6_AOS_rc|1
CTAATTCTAGAATAAAACATTAGGCATTTTTTGCATGCTGCATATGGCGTATTGTCCCTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt249_E6_AOS_rc|1
AAACATTAGGCATTTTTTGCATGCTGCATATGGCGTATTGTCCCTATATACAATCCTAAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt242_E6_AOS_rc|1
AGGCATTTTTTGCATGCTGCATATGGCGTATTGTCCCTATATACAATCCTAAGTTCTGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt154_E6_AOS_rc|1
ACAACCTCCTTTTTACAATATACACACAATACCTGAATATTGTGCATAGACGTATTGCAGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt139_E6_AOS_rc|1
AATATACACACAATACCTGAATATTGTGCATAGACGTATTGCAGGCTTCACATAATTTCGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt103_E6_AOS_rc|1
TACACATAGGTCCTAAAGGCAAATTCATATACCTCTGTCCGTTGTAGTTGCCTTCTGCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt342_E6_AOS_rc|1
TAATAACCAGATATGTGGTGGAATCGTCGTTTGTCTTTAAGATGTTTATATTTGTCTGCT
>HPV97_Alpha_71726694_nt352_E6_AOS_rc|1
CTGGCCTCTATAATAACCAGATATGTGGTGGAATCGTCGTTTGTCTTTAAGATGTTTATA
>HPV97_Alpha_71726694_nt335_E6_AOS_rc|1
CAGATATGTGGTGGAATCGTCGTTTGTCTTTAAGATGTTTATATTTGTCTGCTGGATTCA
>HPV106_Alpha_71726710_nt16_E6_AOS_rc|1
ATTCTTTGGACAGCAGTCTCCGTTGGTCATGGCTATTTTTGTGCTGAAGCAACATATCTCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt286_E6_AOS_rc|1
AATAAACAGCTCTAGTATTGGTATCCCTGTTTCATACTCCACTGTGGGTGCATAGCTGGA
>HPV106_Alpha_71726710_nt279_E6_AOS_rc|1
AGCTCTAGTATTGGTATCCCTGTTTCATACTCCACTGTGGGTGCATAGCTGGAGTAGTCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt243_E6_AOS_rc|1
GTGGGTGCATAGCTGGAGTAGTCCCAGTATCTAAATTGTCTAAGTTTTCCAGCTGCTTTC
>HPV106_Alpha_71726710_nt9_E6_AOS_rc|1
GGACAGCAGTCTCCGTTGGTCATGGCTATTTTTGTGCTGAAGCAACATATCTCTTTTATAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt240_E6_AOS_rc|1
CTCATATACAGCTGTGGTAATGCTGTGCGGGTTTCTTCTTCAACCGTTGCGCCGTAGCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt233_E6_AOS_rc|1
ACAGCTGTGGTAATGCTGTGCGGGTTTCTTCTTCAACCGTTGCGCCGTAGCTGGAGTAGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt226_E6_AOS_rc|1
TGGTAATGCTGTGCGGGTTTCTTCTTCAACCGTTGCGCCGTAGCTGGAGTAGTTCCAGTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt215_E6_AOS_rc|1
TGCGGGTTTCTTCTTCAACCGTTGCGCCGTAGCTGGAGTAGTTCCAGTGCCGTAGTTCCC
>HPV13_Alpha_85827580_nt291_E6_AOS_rc|1
CGAAGTCAAAAATGCCTAAACTGGTTAATCTTTCCTTGTATTTCTAAGCAGCATGCACAAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt284_E6_AOS_rc|1

AAAATGCCTAAACTGGTTAATCTTTCTTGTATTTCTAAGCAGCATGCACAAGCCGCAAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt277_E6_AOS_rc|1
CTAAACTGGTTAATCTTTCTTGTATTTCTAAGCAGCATGCACAAGCCGCAAAATGGAAAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt270_E6_AOS_rc|1
GGTTAATCTTTCTTGTATTTCTAAGCAGCATGCACAAGCCGCAAAATGGAAACGATCCTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt255_E6_AOS_rc|1
GTATTTCTAAGCAGCATGCACAAGCCGCAAAATGGAAACGATCCTCGCCACACTATATATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt248_E6_AOS_rc|1
TAAGCAGCATGCACAAGCCGCAAAATGGAAACGATCCTCGCCACACTATATATAAACTCTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt240_E6_AOS_rc|1
ATGCACAAGCCGCAAAATGGAAACGATCCTCGCCACACTATATATAAACTCTTATACTGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt220_E6_AOS_rc|1
AACGATCCTCGCCACACTATATATAAACTCTTATACTGAAATGAATAAACCTCTGCCGTG
>HPV2_Alpha_9626032_nt177_E6_AOS_rc|1
ATGCCCATATGTCAGCCTCTGATAACGGCCGTTTGCACCATAACACAGAGCAATCGCAAAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt191_E6_AOS_rc|1
TTCTTTTATTGCAAATGCCCATATGTCAGCCTCTGATAACGGCCGTTTGCACCATAACACA
>HPV2_Alpha_9626032_nt184_E6_AOS_rc|1
ATTGCAAATGCCCATATGTCAGCCTCTGATAACGGCCGTTTGCACCATAACACAGAGCAAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt170_E6_AOS_rc|1
TATGTCAGCCTCTGATAACGGCCGTTTGCACCATAACACAGAGCAATCGCAAATCCTCTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt304_E6_AOS_rc|1
TGAAGTCCAGCCTTGCAAGCACTCTAGTACACTGAGAACAAATACCCGTTGGCCCCCCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt293_E6_AOS_rc|1
CTTGCAAGCACTCTAGTACACTGAGAACAAATACCCGTTGGCCCCCCTTCTCCCCAGGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt277_E6_AOS_rc|1
TACACTGAGAACAAATACCCGTTGGCCCCCCTTCTCCCCAGGATAAGTACAGACAGCTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt270_E6_AOS_rc|1
AGAACAAATACCCGTTGGCCCCCCTTCTCCCCAGGATAAGTACAGACAGCTCTGGTCGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt259_E6_AOS_rc|1
CCGTTGGCCCCCCTTCTCCCCAGGATAAGTACAGACAGCTCTGGTCGAAAGCGTAAATAT
>HPV41_Nu_9626041_nt242_E6_AOS_rc|1
CCCCAGGATAAGTACAGACAGCTCTGGTCGAAAGCGTAAATATCCAATACGCTAAGGATC
>HPV41_Nu_9626041_nt233_E6_AOS_rc|1
AAGTACAGACAGCTCTGGTCGAAAGCGTAAATATCCAATACGCTAAGGATCTTATAGCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt224_E6_AOS_rc|1
CAGCTCTGGTCGAAAGCGTAAATATCCAATACGCTAAGGATCTTATAGCAATAATGGCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt157_E6_AOS_rc|1
GTATGCATGGATAAGTTATCTGCTGCGCCAAACACAACCTCCCGTATGGTATGTGGCTTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt150_E6_AOS_rc|1
TGGATAAGTTATCTGCTGCGCCAAACACAACCTCCCGTATGGTATGTGGCTTCTGCGTCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt416_E6_AOS_rc|1
AACTCTATGCACTCTTCTCCGTTTGACACAACCTCCAATTTTTCAGCAACACTCAGTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt409_E6_AOS_rc|1
TGCACCTCTTCTCCGTTTGACACAACCTCCAATTTTTCAGCAACACTCAGTTTTTTTATG
>HPV1_Mu_9626063_nt117_E6_AOS_rc|1
GCAATAAAACATCAATATATGGGATACAGAGGCTTTCGGAAAGCTGTCTGACGGTCCGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt110_E6_AOS_rc|1
AACATCAATATATGGGATACAGAGGCTTTCGGAAAGCTGTCTGACGGTCCGGATTGGTGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt142_E6_AOS_rc|1
CACAGGTTATTTCTATGTCTTGAGTGAAGTGTTTCAGTTCCGTGCACAGATCAGGTAGCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt202_E6_AOS_rc|1
TTCCTCTAAATACTAAACTAAGTTTCTTAAGATAGAATAAAGCAAGATCCGCAAGATCGA
>HPV63_Mu_9626605_nt124_E6_AOS_rc|1
TGCAAGGAACAACCAAATCAATAAATGGGATACGGAGAGCAGAACTCAGATCCCGAACC

>HPV63_Mu_9626605_nt214_E6_AOS_rc|1
CAAACACGAAATTATCTCGCCAGATAAGATGCAAGTCAAATAATCAAACAGCAATTTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt117_E6_AOS_rc|1
AACAAACCAATCAATAAATGGGATACGGAGAGCAGAACTCAGATCCCCGAACCGAATGTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt484_E6_AOS_rc|1
CTACGTGTTCTTGATGATCTGCAACAAGACATACATCGACCGGTCCACCGACCCCTTATA
>HPV5_Beta_9627145_nt429_E6_AOS_rc|2
TTCCTAACACTGTCTGCTCATAAAATTGGTTAAATTCATAAGTTGCAGTGGCGCCACAGC
>HPV5_Beta_9627145_nt419_E6_AOS_rc|1
TGTCTGCTCATAAAATTGGTTAAATTCATAAGTTGCAGTGGCGCCACAGCATACGCGACA
>HPV5_Beta_9627145_nt251_E6_AOS_rc|1
ACAATCAATCACAGGGATGCCTAAGGCTTCAGCTAAGTCTCTAATACTTAAAGGTAATTC
>HPV5_Beta_9627145_nt244_E6_AOS_rc|1
ATCACAGGGATGCCTAAGGCTTCAGCTAAGTCTCTAATACTTAAAGGTAATTCCTGCCTTA
>HPV5_Beta_9627145_nt237_E6_AOS_rc|1
GGATGCCTAAGGCTTCAGCTAAGTCTCTAATACTTAAAGGTAATTCCTGCCTTATCTTTTT
>HPV10_Alpha_9627257_nt146_E6_AOS_rc|1
TGTTTTGTGCAAAATATACAGCACAGGCGAAGGTCTCCAAAGGTATTCACAATTTCTA
>HPV10_Alpha_9627257_nt192_E6_AOS_rc|1
ATATAATTCTCTAAGTGCAAATGCTGCCAATTCGCTGCGGTGAGCTGTTTTGTGCAAAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt185_E6_AOS_rc|1
TCTCTAAGTGCAAATGCTGCCAATTCGCTGCGGTGAGCTGTTTTGTGCAAAATATACAG
>HPV10_Alpha_9627257_nt139_E6_AOS_rc|1
TGCAAAATATACAGCACAGGCGAAGGTCTCCAAAGGTATTCACAATTTCTACACAAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt240_E6_AOS_rc|1
ATTACACATCTTTTGCATGCAGCATACGGACTCCTATCTCTATATACTACTCTTAGGTCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt255_E6_AOS_rc|1
ATTTTTGAATAAAATATTACACATCTTTTGCATGCAGCATACGGACTCCTATCTCTATAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt248_E6_AOS_rc|1
AATAAAATATTACACATCTTTTGCATGCAGCATACGGACTCCTATCTCTATATACTACTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt233_E6_AOS_rc|1
ATCTTTTGCATGCAGCATACGGACTCCTATCTCTATATACTACTCTTAGGTCACAAATTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt226_E6_AOS_rc|1
GCATGCAGCATACGGACTCCTATCTCTATATACTACTCTTAGGTCACAAATTGCAAAATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt103_E6_AOS_rc|1
AGTAGTATTCAAGCTTTCACATAGCTCATGTAGCGTTCTGGGTGCTTCTCTAGGATCCTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt439_E6_AOS_rc|1
ACCTATTTAAAATGAATCTGAAATGCCGTCCGTTATAAATATGATGATCTTTCTCACTTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt432_E6_AOS_rc|1
TAAAATGAATCTGAAATGCCGTCCGTTATAAATATGATGATCTTTCTCACTTGGCGATAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt425_E6_AOS_rc|1
AATCTGAAATGCCGTCCGTTATAAATATGATGATCTTTCTCACTTGGCGATAAAGGCTTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt169_E6_AOS_rc|1
CTTCAGCACTGGTTAAGTGGTTTTTACACCAAATACAGCAGATTTGTAAATTCGCGAGGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt151_E6_AOS_rc|1
GGTTTTTACACCAAATACAGCAGATTTGTAAATTCGCGAGGGTCAGCCCCAAATCTTTGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt141_E6_AOS_rc|1
ATACACACAGTCCAATTCTATTTTCATGTATTGAAATGTTGACCTCTTCACATAAGGCTGG
>HPV49_Beta_9627363_nt411_E6_AOS_rc|1
TATTAGCCGCTGCTCGTCCTTCTATTTTCGATGCCTACGACAATTTCTTGGTGATAATTAG
>HPV49_Beta_9627363_nt461_E6_AOS_rc|2
CAAATCTAGCCTCTTAAGGCAAATGAGACATCTGACTACTATCTCAGCAATATTAGCCGC
>HPV49_Beta_9627363_nt454_E6_AOS_rc|1
AGCCTCTTAAGGCAAATGAGACATCTGACTACTATCTCAGCAATATTAGCCGCTGCTCGT
>HPV49_Beta_9627363_nt447_E6_AOS_rc|1

TAAGGCAAATGAGACATCTGACTACTATCTCAGCAATATTAGCCGCTGCTCGTCCTTCTA
>HPV49_Beta_9627363_nt393_E6_AOS_rc|2
CTTCTATTTTCGATGCCTACGACAATTTCTTGGTGATAATTAGTAAACTCGTGATATGCTG
>HPV49_Beta_9627363_nt386_E6_AOS_rc|1
TTCGATGCCTACGACAATTTCTTGGTGATAATTAGTAAACTCGTGATATGCTGATCTATA
>HPV49_Beta_9627363_nt379_E6_AOS_rc|1
CCTACGACAATTTCTTGGTGATAATTAGTAAACTCGTGATATGCTGATCTATAGGCACAA
>HPV49_Beta_9627363_nt372_E6_AOS_rc|1
CAATTTCTTGGTGATAATTAGTAAACTCGTGATATGCTGATCTATAGGCACAAGCTGCAC
>HPV49_Beta_9627363_nt365_E6_AOS_rc|1
TTGGTGATAATTAGTAAACTCGTGATATGCTGATCTATAGGCACAAGCTGCACAACAACC
>HPV49_Beta_9627363_nt358_E6_AOS_rc|1
TAATTAGTAAACTCGTGATATGCTGATCTATAGGCACAAGCTGCACAACAACCAAAGACA
>HPV53_Alpha_9627377_nt311_E6_AOS_rc|1
GCCCCGTACACTGAACAATTGTAATATCTTAATTTTCGGACCTTACTATAAAAATAGCAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt342_E6_AOS_rc|1
TAACTTTTTTTAGTTAGTGCTTCCAGGCTAGCCCCGTACACTGAACAATTGTAATATCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt335_E6_AOS_rc|1
TTTTTAGTTAGTGCTTCCAGGCTAGCCCCGTACACTGAACAATTGTAATATCTTAATTTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt328_E6_AOS_rc|1
TTAGTGCTTCCAGGCTAGCCCCGTACACTGAACAATTGTAATATCTTAATTTTCGGACCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt321_E6_AOS_rc|2
TTCCAGGCTAGCCCCGTACACTGAACAATTGTAATATCTTAATTTTCGGACCTTACTATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt296_E6_AOS_rc|1
GCATATGCAGCGTATCTAAAGTTCCTATACTGATTCACCTTTTCCATAAAAATTCTAAACAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt289_E6_AOS_rc|1
CAGCGTATCTAAAGTTCCTATACTGATTCACCTTTTCCATAAAAATTCTAAACACTTTACAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt282_E6_AOS_rc|1
TCTAAAGTTCCTATACTGATTCACCTTTTCCATAAAAATTCTAAACACTTTACACACGCTGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt106_E6_AOS_rc|1
TTATATTGCACTGGTCACATAATTCAAATAAAGTTCTAGCTGTGGAGCCGCAACGTGCAG
>HPV9_Beta_9627396_nt420_E6_AOS_rc|1
CTATATCTTTTCCAACCTACAGCAAATTGAAAAAATGTGTAAATTCTAACTGTGCAGACG
>HPV9_Beta_9627396_nt460_E6_AOS_rc|1
CTAATACAAATATTTCCAATAGCTGTTCTTCTACAGTTTCTATATCTTTTCCAACCTACA
>HPV9_Beta_9627396_nt453_E6_AOS_rc|1
AAATATTTCCAATAGCTGTTCTTCTACAGTTTCTATATCTTTTCCAACCTACAGCAAATT
>HPV9_Beta_9627396_nt446_E6_AOS_rc|1
TCCAATAGCTGTTCTTCTACAGTTTCTATATCTTTTCCAACCTACAGCAAATTGAAAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt439_E6_AOS_rc|1
GCTGTTCTTCTACAGTTTCTATATCTTTTCCAACCTACAGCAAATTGAAAAAATGTGTA
>HPV9_Beta_9627396_nt432_E6_AOS_rc|1
CTTCTACAGTTTCTATATCTTTTCCAACCTACAGCAAATTGAAAAAATGTGTAAATTCTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt314_E6_AOS_rc|1
TCCACTGTTCCCACAGGCACGCACGGTCGCGATGCCTTCTATAATTTATTTGCCCGTGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt307_E6_AOS_rc|1
TTTCCCACAGGCACGCACGGTCGCGATGCCTTCTATAATTTATTTGCCCGTGCAGTTCTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt300_E6_AOS_rc|1
CAGGCACGCACGGTCGCGATGCCTTCTATAATTTATTTGCCCGTGCAGTTCTAGGCACAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt231_E6_AOS_rc|1
AAAAGTTACATGGTACAACACAATCGTCTAATGGTATATTTAATAATCTACTAAGTTCTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt395_E6_AOS_rc|1
TTCCCCAACCTATCACACTCTCTACAAAATAATTTTCAAATTCAAATGCTGCTGTAGCAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt385_E6_AOS_rc|1
ATCACACTCTCTACAAAATAATTTTCAAATTCAAATGCTGCTGTAGCAACACAACAATAT

>HPV24_Unclassified_9628486_nt378_E6_AOS_rc|1
TCTCTACAAAATAATTTTCAAATTCAAATGCTGCTGTAGCAACACAACAATATCTACAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt224_E6_AOS_rc|1
ACATGGTACAACACAATCGTCTAATGGTATATTTAATAATCTACTAAGTTCTAACACTGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt217_E6_AOS_rc|1
ACAACACAATCGTCTAATGGTATATTTAATAATCTACTAAGTTCTAACACTGACTGAGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt214_E6_AOS_rc|1
CAAATGGTGTATTATCTCTCCAAATTACAGACAGTCGTTTGTATGAAAAGAAGCAAGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt402_E6_AOS_rc|1
ACCACCGTGACAAATACAATCGTACTTTTCAATATAATCCAACAAACACATACAATTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt426_E6_AOS_rc|1
ATTACCTCTAACTAAATGAAAATAACCACCGTGACAAATACAATCGTACTTTTCAATATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt419_E6_AOS_rc|1
CTAACTAAATGAAAATAACCACCGTGACAAATACAATCGTACTTTTCAATATAATCCAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt412_E6_AOS_rc|1
AATGAAAATAACCACCGTGACAAATACAATCGTACTTTTCAATATAATCCAACAAACACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt395_E6_AOS_rc|1
TGACAAATACAATCGTACTTTTCAATATAATCCAACAAACACATACAATTTTCACAGCGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt383_E6_AOS_rc|1
TCTGCAAAAGATAACAATGTAAGGCAATCAAAACAGCGTACAGAAAGAGAACTCAAAGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt282_E6_AOS_rc|1
CTGAAAATAGTTTTTCAGCTTCAAATTTAGCAGTAAGTCTAAGACACGGAGTACAACAAGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt292_E6_AOS_rc|1
TGGGTCCGTAACAGGAATGGTCCCAATGTGCGCAGCTCCCTCACTTTTACTTCACGTGCCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt318_E6_AOS_rc|1
TGACCGTCCGTGTGTCTGTTCCACAGTGGGTCCGTAACAGGAATGGTCCCAATGTGCGCAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt285_E6_AOS_rc|1
GTAACAGGAATGGTCCCAATGTGCGCAGCTCCCTCACTTTTACTTCACGTGCCAAGCATGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt277_E6_AOS_rc|1
AATGGTCCCAATGTGCGCAGCTCCCTCACTTTTACTTCACGTGCCAAGCATGGTGCGCATA
>HPV61_Alpha_9628574_nt106_E6_AOS_rc|1
CCTCAAAGTCCACCTCGTAGTCCTTGCGAGCAGGAAAATATTAGTTGGATTGCACGGTC
>HPV82_Alpha_6970427_nt133_E6_VE|1
ACGCTGCACGAATTATGTGAAGCCTGCAATACGTCTATGCACAATATTCAGGTATTGTGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt242_E6_VE|1
CTGAAAGCAGCTGGAAAACCTTAGACAATTTAGATACTGGGACTACTCCAGCTATGCACCC
>HPV35_Alpha_333050_nt111_E6_VE|1
ATGTTTCAGGACCCAGCTGAACGACCTTACAAACTGCATGATTTGTGCAACGAGGTAGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt107_E6_VE|1
ATGGCAAAACCTCCTTCGGTGCAGGAACCTTAGAAGACAGTTAGATATTCCATTGGAGGAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt223_E6_VE|1
ACGGAAGTATTATCGTTTGCATTTAGAGATTTAAAGGTTGTGTGGCGCGACGGATATCCG
>HPV40_Alpha_397014_nt343_E6_VE|1
TACGCAGCCTATGCACCAACCGTGGAAGAAGAGACAGGATTAACCATTTTACAAGTAAGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt448_E6_VE|1
GAGCATATGATACACGCGAATCTGCACTTCCACAAAATAGCTGGGAAGTGGACAGGAAAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt108_E6_VE|1
ATGGCGCGATTTCCCAATCCTGCAGAACGCGCCATACAAATTGCCTGACCTGTGCACGGCG
>HPV90_Alpha_22138122_nt32_E6_VE|1
ATCTTCCTATTGTGCAAAGTCTATGAACCTGGACCTGCAGGACCTGAACATAACCTGCGTG
>HPV38_Beta_1020234_nt561_E6_VE|1
CAAGCATTTTACAAGGTTAGAGGCAATTGGAAAGGAAGGTGCAGGCATTGCAAAGCAATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt332_E6_VE|1
AAGGTTGTGTGGCGCGACAGTTATCCGTTTGCAGCGTGTGGCCTGCTTAAAATTTTAT
>HPV51_Alpha_333087_nt398_E6_VE|1

ATAAGGTGTCATAGATGTCAAAGACCACTTGGGCCTGAAGAAAAGCAAAAATTGGTGGAC
>HPV45_Alpha_397022_nt103_E6_VE|1
ATGGCGCGCTTTGACGATCCAAAGCAACGACCCTACAAGCTACCAGATTTGTGCACAGAA
>HPV40_Alpha_397014_nt403_E6_VE|1
ATTAGATGCTGCAAGTGCCACAAGCCTTTGTCTCCCGTGGAAAAACCAACCATATTGTA
>HPV20_Beta_1020162_nt441_E6_VE|1
GTTTTTGCATGCTGTCGTGTTTGTCTGCTCGGCAACAGCGACATATGAGTTTAATCAATTT
>HPV8_Beta_333074_nt602_E6_VE|1
AAAGTTAGAGGAGGCTGGAAAGGAGTTTGCAGGCTTTGTAAGCATTTGTATCATGATTGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt163_E6_VE|1
GGGCTGACCCCTGCGGAATTTACAAATCTGCTGTATTTGGTGTAAAAACCACTTAACCAGT
>HPV33_Alpha_333049_nt110_E6_VE|1
ATGTTTCAAGACACTGAGGAAAAACACGAACATTGCATGATTTGTGCCAAGCATTTGGAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt433_E6_VE|1
CTGTGTCCATTGGAAAAGCAAAGGCATGTAGATGAAAACAAACGGTTTCACCAAATAGCG
>HPV82_Alpha_6970427_nt433_E6_VE|1
GGGCCTGAAGAAAAGCAAAAGGTGGTGGACGACAAAAAAGGTTTCATGAAATAGCGGGA
>HPV47_Beta_333062_nt479_E6_VE|1
CAACACAGTGTTAGGTAGAGATATTGAGCTAGCTACAGGCCTTTCCATTTTGTGAGATTGAC
>HPV94_Alpha_40804528_nt244_E6_VE|1
TTGGTGTGGAAAGCGGGAGTGCCATACGGTGCCTGTGCCCGGTGTTTACTTCTGCAGGGC
>HPV59_Alpha_557236_nt446_E6_VE|1
GCTGGAATATATACAGGACAGTGTCGTGGGTGTGCGACCCGAGCAAGACACCTAAGACAG
>HPV44_Alpha_1020242_nt106_E6_VE|1
ATGGAAAGTGCAAATGCCTCCACGTCTGCACAAAGTATAGACCAGTTGTGCAAGGAGTGC
>HPV93_Beta_37089393_nt466_E6_VE|1
AAGCTTGATATCTGTGGTAGATCTCTATTGTTTTACAAAGTGAGGAGGGGCTGGAAAGGA
>HPV20_Beta_1020162_nt201_E6_VE|1
ATGGCTACACCTCCTTCTTCAGAAGACAGCGCTGATGAAGGACCATCTAATATTGGAGAG
>HPV38_Beta_1020234_nt261_E6_VE|1
GAGGATCTGTTATTACCCTGTAGATTCTGCAACAGTTTCCTCACGTACATTGAATTACGT
>HPV27_Alpha_396964_nt400_E6_VE|1
ATACCTCAGCTGTTTATGAGATGCTATATCTGCCATAAGCCCCTGAGCTGGGAGGAGAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt343_E6_VE|1
GTGCTTGCAAGGCTGGAGTTCACCTGCACGGCACGAAGTGTCTTGTGCAGCCAGCCGTCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt433_E6_VE|1
CCTTTGTGCAACGTGGAAAAGCAACGGCACGTAGATTACAACAGGCGATTCCACTGTGTT
>HPV15_Beta_396924_nt201_E6_VE|1
ATGGATAGGCCAAAGCCTTTTTCTGTGCAGCAGCTTGCAGACACTCTGTGTATACCTTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt210_E6_VE|1
ACGGTAAGTTTCGCAACTCTCTCGGTTGCCAAAAGTTTATCTTGAGAGGTTGTTGGCAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt403_E6_VE|1
AGATGCTACATGTGTACAAACCGCTGGTAAGGGAAGAAAAAGACAGACATCGTAACGAA
>HPV5_Beta_9627145_nt381_E6_VE|1
CTTAGTCTAATTTGGAAAGATTATTGTGTGTTTGCCTGTCTGCGTATGCTGTGGCGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt373_E6_VE|1
CACGAAGTGTCTTGTGCAGCCAGCCGTCTGCCGCACTTTATAGGACAGAGCCTCAGCGAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt223_E6_VE|1
GAGGTGCTGGCCTTTGCATTTAGAGAGTTATATGTAGTGTGGCGCAACGACTTTCCTTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt112_E6_VE|1
ATGGCAAATGGCAGACCTACAACCTTGGACGAGTACTGCAGGAGATTTGACATTTCTTTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt403_E6_VE|1
AGGTGCCATGCATGCTGCAAACCCCTAAGCTGTGAGGAAAAGGAATATCAGGTGCAGACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt163_E6_VE|1
ACCACGGTGCATGAAATAAGTTTGCCTGCGTGCAGTGCAAAAAAAGCTTTGGACAGAAAC

>HPV90_Alpha_22138122_nt302_E6_VE|1
AGATGCTACCTGTGCCATAAACCCTGTGCAGTGAGGAAAAGGAACGGCTTATCAGTGAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt343_E6_VE|1
TATGTGGAAGGCGTGGAAGAGGAGACAAAACAATCTATAGATACACAGCAAGTGAGATGC
>HPV11_Alpha_333026_nt493_E6_VE|1
AACCAGTGGAAGGTCGTTGCTTACACTGCTGGACAACATGCATGGAAGACTTGTACCC
>HPV80_Beta_2911565_nt351_E6_VE|1
TGGACTGAAGAAGACTTTGTCTTTGCTTGTGTAGCAGTTGTGCTTTTGCTACTGCACAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt32_E6_VE|1
CCATACAAATTGCCAGACCTGTGCAGGACATTGGACACTACATTGCATGACGTTACAATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt494_E6_VE|1
TGTACGTGGAAGGTCGCTGCCTACACTGCTGGACAACATGCATGGAAGACATGTTACCC
>HPV63_Mu_9626605_nt253_E6_VE|1
TGGCGAGATAATTTTCGTGTTTGCTTGTGTGCTAGGCATGTTAGTCTGCTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt133_E6_VE|1
CGGACTATATTTGAGTTGTGTGATGAGTGTAACATAACTTTGCCTACTCTGCAAATTGGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt103_E6_VE|1
ATGTTTTTTTCCCAATCCTGAGGAACGGCCATACAAGCTACCAGCCTTATGTGAAGAGGTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt313_E6_VE|1
TCAAAAATAATAGAATATAGACGCTACACATCGTCTGTGTATGGTGCAACACTGGAAGCG
>HPV51_Alpha_333087_nt98_E6_VE|1
ATGTTTGAAGACAAGAGGGAAAGACCACGAACGCTGCATGAATTATGTGAAGCTTTGAAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt373_E6_VE|1
ACAAACGAGTCCATATATACACAGCTAATTCGCTGCTACATGTGCCACAAGCCACTTGTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt32_E6_VE|1
TTTGTGCTGTGCAAAGAATGTGAAGTGGATTTGGAGGACTTACGACTGCTTTGCATTTAT
>HPV23_Beta_1020186_nt261_E6_VE|1
CGACCACTGACGGTACAGCAACTTAGTGATAAGTTGACAGTACCAGTGGTAGATCTCTTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt272_E6_VE|1
ACAGGATTACCACCTTGACAAATAAATATAAGGTGCCACGCGTGTGCAAGCCATTGTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt263_E6_VE|1
AGGAGCTGAAAGTTGTGTGGAGAAGTGGTTTTCCGTTTGCTGCATGTGCCTGCTGTTTGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt302_E6_VE|1
GAAGTGTTGTCGTTTGCATTTAGGGATTTAAAGGTTGTGTGGCGGACAGTTATCCGTTT
>HPV37_Beta_1020226_nt561_E6_VE|1
CAACAATTTTACAAGGTTAGGCGCAATTGGAAAGGCTTGTGTAGACATTGTGGGTCGATA
>HPV84_Alpha_12958167_nt212_E6_VE|1
AAAGTACGTGAGCTACGCCACTGGGATTACTCCAGCTTTGGACCAACAGTGGAAGAAGAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt172_E6_VE|1
TTTGATTTGCGTCTTCCTTGTATTTTTTGTCTTTCATCCGTTGATCTTGCAAGCTTGCT
>HPV21_Beta_1020170_nt201_E6_VE|1
ATGGCTGACTCTTCAACAGACAGTGCTGACGAAGGTCCTTCTCCTAAGCGTAGACATTTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt103_E6_VE|1
ATGGCAGATGGCAGACCTGCAACCTTGGACGACTTCTGCAGACGATTCGACATTTCTTTT
>HPV12_Beta_396910_nt381_E6_VE|1
CTAATTTGGAAAGGTCATTTTGTACTGCTGTGCTGCAAGTTGTTGCGCAGCTACTGCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt313_E6_VE|1
TATTCTAAAGTGTGTGCACTGCGACACTACGACAGATCAGCATTTTGGCATAACAGTAGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt240_E6_VE|1
CTGACAGTACAGCAACTTAGTGATAAGTTGACTGTACCTGTAGTAGATCTTTTGCTACCT
>HPV20_Beta_1020162_nt231_E6_VE|1
GCTGATGAAGGACCATCTAATATTGGAGAGGCAAAACCTCCAATCTTAGAGCCACCATTG
>HPV63_Mu_9626605_nt283_E6_VE|1
CAGTGCTGTGCTAGGCATGTTAGTCTGCTTGAGTTTATGCTTTATTATCAGGAGTCTTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt493_E6_VE|1

TTAGACAATTGTGCTAGGCATCAGCAGTTTTATAAGGTGAGAGGTAATTGGAAGGGATTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt253_E6_VE|1
GCAATAAGAGAGCTAAACTTGGTGTGGCGAAAGAACTGGCCATTTGGAGTATGCGCAGCG
>HPV1_Mu_9626063_nt105_E6_VE|1
ATGGCGACACCAATCCGGACCGTCAGACAGCTTCCGAAAGCCTCTGTATCCCATATATT
>HPV107_Beta_126131393_nt620_E6_VE|1
GAGAAGTTAGACAATTGTGCTAGGCATCAGCAGTTTTTTTAAGGTGAGAGGTAATTGGAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt390_E6_VE|1
GTGTTTGCATGTTGCAGCGGCTGTGCCTACGCTTCAGCCCAATTTGAATTCAGCAGTAT
>HPV33_Alpha_333049_nt470_E6_VE|1
TTAAACAAACGATTTTCATAATATTTCCGGTCGTTGGGCAGGGCGCTGTGCGGCGTGTGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt163_E6_VE|1
ATGGAGAGGCCCTAGAACAGTACAAGTTCTGAGTCGGCATTTAGAAATACCAATAGAAGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt270_E6_VE|1
TTACAACCTGCCACTCATAAACAAGTAACCGCCTGCGTTTCTAGGACATTTTATATACAG
>HPV20_Beta_1020162_nt621_E6_VE|1
TGTGGCAGAAAGCGTCCATTTTATTTAGTGAGAGGCTCTTGAAAGGAATCTGTAGGCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt403_E6_VE|1
CCGCACCTTTATAGGACAGAGCCTCAGCGACCTTGAGGTGAGGTGTGTGAGGTGCCTAGCT
>HPV18_Alpha_9626069_nt406_E6_VE|1
TTATTAATAAGGTGCCTGCGGTGCCAGAAACCGTTGAATCCAGCAGAAAAACTTAGACAC
>HPV93_Beta_37089393_nt136_E6_VE|1
GCAGTAAGTAAACCTCAGACCATTACAGAGCTTGCTAGGTGTCTTGGTATACCGTTAGAA
>HPV51_Alpha_333087_nt458_E6_VE|1
GAAAAAAAAAAGGTTCCATGAAATAGCGGGACGTTGGACGGGGCAATGCGCTAATTGCTGG
>HPV65_Gamma_312100_nt103_E6_VE|1
ATGGCAGATGGCAGACCTGCAGCTTTGGACGACTTCTGCAGACGATTTGATATTTCTTTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt362_E6_VE|1
GGCAAACGGTTCATAAAATAGCTGGGCTTTGGCGAGGCGCTTGCCCTGCAGTGTGGAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt403_E6_VE|1
TCTGATTTATCAATAAGGTGCTACAGATGTCAACATCCGTTGACACCAGAGGAAAAACAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt103_E6_VE|1
ATGTTTCAGGACACAGACGAAAAACCACGCAACCTGCACGAATTGTGTGAAGCTTTGGAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt463_E6_VE|1
GTAGATTACAACAGGCGATTCCACTGTGTTAGAGGCTATTGGAAGGGTAGGTGTCTACAT
>HPV8_Beta_333074_nt392_E6_VE|1
TACGTTGTTACTGCGTGTTGTGCTGTTGTTGTTGTGTAGCAACCGCAACGTTTGAATTTAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt392_E6_VE|1
ACAGGAAAGTGTGCAACTGCAGGGTAATATGCACGGCCGCACGCCGACCATCCAGGATA
>HPV80_Beta_2911565_nt201_E6_VE|1
ATGGATAGGCCAAAGCCTTCTTCTGTGCAGGAGCTTGACAGACACTCTTTGTATACCTTTA
>HPV5_Beta_9627145_nt411_E6_VE|1
TTTGCGTGCTGTCGCGTATGCTGTGGCGCCACTGCAACTTATGAATTTAACCAATTTTAT
>HPV93_Beta_37089393_nt376_E6_VE|1
GGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGGTGTGCG
>HPV49_Beta_9627363_nt501_E6_VE|1
TGCCTTAAGAGGCTAGATTTGTTGGAAAAGCTTGATATTTGTGCACAGCACAGAGAGTTT
>HPV40_Alpha_397014_nt223_E6_VE|1
GAGGTACTGGCCTTTGCCTTTAGAGAGTTATATGTTGTGTGGCGCGACGACTTTCCACAC
>HPV21_Beta_1020170_nt441_E6_VE|1
GATCATTTGTGTGTTTGCCTGTTGTGCTGTTTGTGCGCAGCAACAGCGACATATGAATAT
>HPV30_Alpha_396973_nt163_E6_VE|1
GTACAAGAAACATCGTTGCTGGAGCTACAGCTACAGTGTGTATATTGCAAGAAGGAATTA
>HPV17_Beta_396932_nt351_E6_VE|1
TGGACTGAAGAAGATTTTGTGTTTGCCTGTTGCAGTAGTTGTGCGTATGCTACAGCACAG

>HPV43_Alpha_40804474_nt403_E6_VE|1
TGCATTAGATGCTGTAAGTGCCACAAGCCATTATCACCAGTGGAAAAAGTACAGCATATT
>HPV41_Nu_9626041_nt433_E6_VE|1
CTTGAGGTGAGGTGTGTGAGGTGCCTAGCTCTTCTACAATCTGTGGAAAAGGATTACATA
>HPV82_Alpha_6970427_nt313_E6_VE|1
TCTAGAATTAGAGAATACAGAAGGTATAGTAGGTCTGTGTATGGTGCTACATTAGAGGCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt325_E6_VE|1
TGCAACTTCTGTGGAAGGTTCTTAGATTTTTTGGAGGTTTGCGAGTTTGACAAAAGCAG
>HPV111_Beta_186461202_nt157_E6_VE|1
ATGGATAGGCCAAAGCCTAGGACAGTAAAGGAACTAGCAGACACACTAGCAATTCCTGTA
>HPV14D_Beta_396918_nt447_E6_VE|1
GTCATTGTGTATTTGCTTGTTGCCGTGTATGCTGCACAGCAACAGCAACGTATGAGTTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt182_E6_VE|1
TCTGCACGTAGCTGCTCCCAAACGCTAAGACCATATTTGAGTTGTGTGACCAGTGTAAC
>HPV52_Alpha_397038_nt103_E6_VE|1
ATGTTTGAGGATCCAGCAACACGACCCCGACCCCTGCACGAATTGTGTGAGGTGCTGGAA
>HPV56_Alpha_397053_nt103_E6_VE|1
ATGGAGCCACAATTCAACAATCCACAGGAACGTCCACGAAGCCTGCACCACTTGAGTGAG
>HPV23_Beta_1020186_nt501_E6_VE|1
GAAATTGAGCAGGAGGAGCAACGACCTATAGGCCAAATTTGTATTAGGTGTCAGTATTGT
>HPV110_Beta_186461194_nt173_E6_VE|1
ATGGCCAGGCCAAAGCCTTTGACAGTACAACAGCTTGCAGATACATTATGCATTCCTGTT
>HPV31_Alpha_333048_nt109_E6_VE|1
ATGTTCAAAAATCCTGCAGAAAGACCTCGGAAATTGCATGAACTAAGCTCGGCATTGGAA
>HPV25_Beta_396948_nt591_E6_VE|1
CTTGATATTTGTGGCAGAAGACGTCTTTCCATCTAGTAAGAGGCTCTTGGAAGGAATC
>HPV22_Beta_1020178_nt360_E6_VE|1
TTGCAATTAATTTGGACAGACGAGGACTTTGTGTTTGCATGTTGCAGCGGCTGTGCCTAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt493_E6_VE|1
ATAGCATATGCATGGACCGGTCATGTTTGCAGTGTTGGAGACATACGAGTAGACAAGCT
>HPV55_Alpha_1020266_nt103_E6_VE|1
ATGGAAAGTGCAAATGCCTCCACGGCTGCACAAAGTATAGACCAGTTGTGCAAGGAGTGC
>HPV42_Alpha_333211_nt259_E6_VE|1
AAAGATTTGGTAGTGGTGTGGAGGAAGGACTTTCCATATGCTGCATGTGCATTTTGTTTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt403_E6_VE|1
GATTTATCAATAAGGTGCTACCGATGTCAATGTCCGTTAACACCGGAGGAAAAACAATTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt466_E6_VE|1
CTTAATGAAAAACGACGATTTTACAACATAGCTGGGCACTATAGAGGCCAGTGCCATTCG
>HPV22_Beta_1020178_nt570_E6_VE|1
TGCTGTTCCAATCAACCATTTTACAAGGTTAGAGATCATTGGAAGGGAAGGTGCAGGCAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt362_E6_VE|1
GATAGGTTTCATAAAATAGCAGGGGAGTGGACAGGAAAGTGCTGCAACTGTAGGGTATCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt103_E6_VE|1
ATGTTTGAAGACATAAGAGAAAGACCACGAACGCTGCACGAATTATGTGAAGCCTGCAAT
>HPV47_Beta_333062_nt419_E6_VE|1
GCCTGCTGCCGTTTGTGCTGCTCAGCAACTGCCACATATGAATTTAATGTTTTTATCAA
>HPV23_Beta_1020186_nt291_E6_VE|1
AAGTTGACAGTACCAGTGGTAGATCTCTTGCTACCTTGCAGATTTTGTCTAGGTTTCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt198_E6_VE|1
CAGTTGGGTTCTGTTCTATCAGAAACAGCTTAGTTTGGTCTGGAGGAGCGGTGCTTGTTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt496_E6_VE|1
GCAGGGAAATATAGAGGACAGTGTCGCCGGTGCATGACGCGTGCAACAAGAACAGCAAGGC
>HPV19_Beta_396940_nt441_E6_VE|1
GCTTGCTGTGCTGGTGTGTCACAGCAACTGCAACATTTGAATTTAATGAGTTCTATGAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt403_E6_VE|1

ATATTTATAAGGTGCTGGCTGTGCCATAAACCTTTGTGCAACGTGGAAAAGCAACGGCAC
>HPV30_Alpha_396973_nt493_E6_VE|1
ATATCACGTACGTGGACCGGTTATGTCTGCAATGCTGGAGACACACAACGTCCACTGAG
>HPV31_Alpha_333048_nt469_E6_VE|1
AAAAAGAAACGATTCCACAACATAGGAGGAAGGTGGACAGGACGTTGCATAGCATGTTGG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt182_E6_VE|1
GTGTGCCTAAAATGCATATGCAGAGAAGCCAAGGTACGTGAGCTACGACACTGGGAGCAC
>HPV35_Alpha_333050_nt471_E6_VE|1
GAAAAAAAACGATTCCATAACATCGGTGGACGGTGGACAGGTGGTGTATGTCCTGTTGG
>HPV38_Beta_1020234_nt441_E6_VE|1
GTCTTTGGCCGTGAAATTGAACAGGTGGAGCAACAGACAATAGGCCTTATTGTTATAAGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt253_E6_VE|1
GTGGTGTGGAGAGGTGGGGCGCCGTACGGTGCATGTGCACGGTGTCTTACTGCTATATGGC
>HPV25_Beta_396948_nt231_E6_VE|1
GGACCACCAGAGCAAGCGCAGGTTATACAGCCACCATTGCCAGCAACAATTACTGATCTA
>HPV14D_Beta_396918_nt477_E6_VE|1
GCTGCACAGCAACAGCAACGTATGAGTTAATGAATTTTATGAGAGTACTGTTGAAGGCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt428_E6_VE|1
GGGCCAGAAGAAAAACAAAGAAATTGTGGATGAAAAGCGACGATTTACGAAATAGCAGGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt253_E6_VE|1
TGGAGAACGGGAGCGCCCTATGGTGCCTGTGCCCGGTGTTTACTACTGCAGGGCATTGTG
>HPV33_Alpha_333049_nt140_E6_VE|1
ACATTGCATGATTTGTGCCAAGCATTGGAGACAACATATACACAACATTGAACTACAGTGC
>HPV42_Alpha_333211_nt139_E6_VE|1
CAGCCACGCACATTATACCAATTGTGTAAGGAATTTGGGCTGACATTGCGGAATTTACAG
>HPV96_Beta_50253426_nt360_E6_VE|1
GATTTAAAGACAGTGCAGCAACTTAGAAGTCATTTGGGCATTCTTACTGAAGACCTGTTG
>HPV96_Beta_50253426_nt150_E6_VE|1
AAGCAGTTTAAACCTGCCAAGAAAAGCCCGCCAAAACGTCTGCCAACTTTGGAACCGTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt133_E6_VE|1
CCGCGTACTCTAGCTGATTTGTGCAAGGTATGCAATATTCCTATGCATAGTTTGCAACTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt32_E6_VE|1
TTTCTGCTGTGCAAAGACTGCGAGGTGGATTTGGAAGACTTACGACTGATTGCAATTTAT
>HPV58_Alpha_222386_nt141_E6_VE|1
ACATTGCATGATTTGTGTGTCAGGCGTTGGAGACATCTGTGCATGAAATCGAATTGAAATGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt362_E6_VE|1
GAGCGATTTCTATAAAATATCTGGAGAGTGGACAGGAAAGTGTGCAACTGCAGGGTAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt163_E6_VE|1
GAATCGGTGCATGAAATAAGGCTGCAGTGTGTGAGTGCAGTGCAAAAAGAGCTACAACGAAGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt403_E6_VE|1
ATAAGGTGTCATAGATGCCAAATACCATTGGGACCGGAAGAAAAACAGAGAATTGTGGAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt304_E6_VE|1
ATTGCACGGCGCCTAAAATATTGGCAATATTCATATTATGTAGAAGGCGTGGAAGAGGAG
>HPV3_Alpha_397005_nt433_E6_VE|1
AAACCACTGGTAAAGGAAGAGAAGGACAGACACCGCAACGAAAAGCGAAGACTGCACAAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt373_E6_VE|1
CGGTCAATTAGCTGAACATATATACGGTGCCATGCAGCAAACCGTTAAGTATACAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt253_E6_VE|1
GACCTATTTGTGGTGTGGAGACACGGCTTCCACATGCTGCATGTGCACTGTGCCTAGAA
>HPV19_Beta_396940_nt291_E6_VE|1
ACAATTGCTGGATTAGCAGCATTGCTAGAAATACCGTTGGATGACTGTTTAGTGCCTTGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt223_E6_VE|1
CTGGCAGCATTTACAATTAGAGAATTAAATGTGGTGTGGAGAGGTGGGGCGCCGTACGGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt152_E6_VE|1
GTGGTGCGGCGAAAGGACTGGCCATTTGGAGTATGCGCAGCATGCCTATTGAGAGAGATT

>HPV95_Gamma_40804520_nt442_E6_VE|1
GAAAAACTTGACCTGTTATACAGTGGTGAGGTGTGCTATTTAATAAGGGGTTTGTGGAGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt328_E6_VE|1
CTTCGTCACCTGGGAGTACTCCAGCTACGGACCCACAGTAGAAGAAGAAACAGGTGTAGCA
>HPV81_Alpha_40804509_nt493_E6_VE|1
CATAAAATAGCTGGAGAGTGGATGGGAAAGTGC TGCCATTGTAGAGGAGCATGCATGGCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt228_E6_VE|1
AGTTTGGTCTGGAGGAGCGGTGCTTGT TTTGCGTGTGTGTGCCCTTGTCTAGGCTTTCT
>HPV3_Alpha_397005_nt283_E6_VE|1
GCGCCCTACGGTGCTTGTGCACGGTGT T TACTTGTAGAGGGCATTGCACGACGCCTAAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt103_E6_VE|1
ATGCAGATGGAAGAAGACAGGTTTCCAACAACAGTGGCTGATTATTGCTCTGAATTTGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt499_E6_VE|1
ATATTGTGTCAGTGGACGGTTCGGTGTACGCATTGCAGAGGACAATGCGTGGAGAGACGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt84_E6_VE|1
ATGCACCAAAAAGAGAACTGCAATGTTTCAGGACCCACAGGAGCGACCCAGAAAGTTACCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt493_E6_VE|1
AGCGTGTGGAAAGGATACTGCCTACATTGCTGGAAATCATGCATGGAAAAAGCCGACGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt474_E6_VE|1
AGATTCCATAATATAAGGGGTTCGGTGGACCGGTTCGATGTATGTCTTGTTCAGATCATCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt444_E6_VE|1
GAAAAGCAAAGACATCTGGACAAAAAGCAAAGATTCCATAATATAAGGGGTTCGGTGGACC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt212_E6_VE|1
AAGGTACGTGAGCTACGACACTGGGAGCACTCCAGCTACGGATCCACAGTGAACAAGAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt253_E6_VE|1
TGGAGACATAACTGGCCATTTGGAGTATGCGCACCATGCTTGGCACGTGAAGTAAAAGTG
>HPV3_Alpha_397005_nt403_E6_VE|1
ACACAGCAAATTAGATGCTACATGTGT CACAAACCACTGGTAAAGGAAGAGAAGGACAGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt403_E6_VE|1
ATAAGATGCTGCAAATGCCACAAACCAT TGTCTCCTGTGGAAAAACCAACCACATTGTT
>HPV11_Alpha_333026_nt103_E6_VE|1
ATGGAAAGTAAAGATGCCTCCACGTCTGCAACATCTATAGACCAGTTGTGCAAGACGTTT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt595_E6_VE|1
GGTCGAGGCCTTCCGTTCCACAAAGTGAGAGACGGCTGGAAAGGAGTGTGCAGGCACTGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt392_E6_VE|1
CGGCTAATAACAGAAGGCAAACGGTTCCATAAAAATAGCCGGGCACTGGCGAGGCGCTTGC
>HPV9_Beta_9627396_nt351_E6_VE|1
CACAAGTGTTTACAGCTTATTTGGACAGAGGAGGATTTGGTGTATGGACTCTGTAGTAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt493_E6_VE|1
TCGTGGACAGGGTACTGTCTACATTGCTGGAAGAAATGCATGGAGAAAGGCCAACGCTCG
>HPV3_Alpha_397005_nt253_E6_VE|1
CGGGAAGTGAATGTGGTGTGGAGAAGGGGAGCGCCCTACGGTGCTTGTGCACGGTGT TTA
>HPV12_Beta_396910_nt231_E6_VE|1
ACAGACAGTACGCCTGAGCTGCCCACA ACTATTAAGAGTTAGCTGACCTTTTAGATATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt272_E6_VE|1
ACAGGAGTGCCTATTTTAGAATTGCTTATTAGATGCTACCTGTGCCATAAACCACTGTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt133_E6_VE|1
GATCTGAGTTCTGCTCTCCGTATCCCATT TATTGATTTGGTTGTTCCCTTGCAATTTTTGC
>HPV45_Alpha_397022_nt403_E6_VE|1
TTGTTAATAAGGTGCCTGCGGTGCCAGAAACCAATTGAACCCAGCAGAAAAACGTAGACAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt223_E6_VE|1
GCGTTTGCACATAAAGGAGCTAAGCATTGTGTGGAGACATAACTGGCCATTTGGAGTATGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt133_E6_VE|1
AACCTGCACGAATTGTGTGAAGCTTTGGAAACCACGGTGCATGAAATAAGTTTGGCCCTGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt561_E6_VE|1

GAATTATTTTCATAAAGTGAGGAGGGGCTGGAAAGGACTCTGTAGGCAGTGTAAGCAGATA
>HPV36_Beta_1020218_nt411_E6_VE|1
TTTGCCTGCTGTCGTGTTTGTGTGGTGCAACAGCCACATATGAGTTTAATCAGTTTTAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt136_E6_VE|1
CCCTACAAACTACCAGACCTATGCAACACACTGGACACATCACTGCAAGATATAGAAATA
>HPV58_Alpha_222386_nt111_E6_VE|1
ATGTTCCAGGACGCAGAGGAGAAACCACGGACATTGCATGATTTGTGTCAGGCGTTGGAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt114_E6_VE|1
GACCCACAGGAGCGACCCAGAAAGTTACCACAGTTATGCACAGAGCTGCAAACAACTATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt196_E6_VE|1
AGCTGTGTATATTGTAAAAGCGTCCTGCAGCGAACAGAGGTATATGAATTTGCCTTTGCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt433_E6_VE|1
GGACCGGAAGAAAAACAGAGAATTGTGGATGAAAAGCGACGGTTCCATGAAATAGCAGGG
>HPV42_Alpha_333211_nt169_E6_VE|1
GAATTTGGGCTGACATTGCGGAATTTACAGATTTTCCTGCATTTGGTGCAAAAAGCACTTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt493_E6_VE|1
TACTGGAAAGGGTTGTGCACAACTGCTGGAGACCAAGGCGGAAGCAACAGAAACACAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt173_E6_VE|1
ACCAAGTACGACGTGGACCTGCAGGACCTGAACCTAACCTGCATATTCTGCAGAACAAATTA
>HPV41_Nu_9626041_nt493_E6_VE|1
TTGCGGGAAGACTTGTCTGTGCATAGAATTGGCGGGATCTGGAGGGGAAGTTGTGTTTGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt343_E6_VE|1
TCGGGCTACGGACCCACTGTGGAACAGGAAACAGGCAAATCATTAGCAGAACTATATATA
>HPV56_Alpha_397053_nt133_E6_VE|1
CGTCCACGAAGCCTGCACCACTTGAGTGAGGTATTAGAAATACCTTTAATTGATCTTAGA
>HPV18_Alpha_9626069_nt136_E6_VE|1
CCCTACAAGCTACCTGATCTGTGCACGGAAGTGAACACTTCACTGCAAGACATAGAAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt463_E6_VE|1
GATTTTCTGTTAATTCGCGGGACTTGGAGAGGTGTTTGTAGAAATTGTATCAGCCATGAG
>HPV39_Alpha_333245_nt198_E6_VE|1
GCCTGTGTCTATTGCAGACGACCACTACAGCAAACCGAGGTATATGAATTTGCATTTAGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt122_E6_VE|1
CGGACAGAGGTATATGAATTTGCCTTTAGTGACCTATGTGTAGTGTATAGAGACGGGGTA
>HPV65_Gamma_312100_nt463_E6_VE|1
GCCTGCTACTTAATAAGGGGTTTGTGGAGGGGCTATTGCAGAAATTGCATTAGGAAACAA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt565_E6_VE|1
TTGAGCACCATTTGAAAAATTAGATAGCTGTGGTCGAGGCCTTCCGTTCCACAAAGTGAGA
>HPV36_Beta_1020218_nt591_E6_VE|1
GGAAGAGGACTTCCCTTTTCATAGAGTCAGAAACGCCTGGAAGGGAATCTGTAGGCAGTGT
>HPV19_Beta_396940_nt261_E6_VE|1
CCACAGGTACAGAGCCACCATTACCAGCAACAATTGCTGGATTAGCAGCATTTGCTAGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt180_E6_VE|1
CCAAAACGTCTGCCAACTTTGGAACCGTTAACGGTAAGTTTCGCAACTCTCTCGGTTGCC
>HPV52_Alpha_397038_nt133_E6_VE|1
ACCCTGCACGAATTGTGTGAGGTGCTGGAAGAATCGGTGCATGAAATAAGGCTGCAGTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt56_E6_VE|1
ATGGCACGCTTTGAGGATCCTACACAACGACCATACAAACCTGCCTGATTTGAGCACAAACA
>HPV53_Alpha_9627377_nt433_E6_VE|1
CAACATCCGTTGACACCAGAGGAAAAACAGTTACACTGTGACTATAAGAAACGGTTTCAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt92_E6_VE|1
TGCACAAATGAATTAACAACAGCAGAAGTGCTGCTTTGCATGGAAGGAGCTGTGTATT
>HPV77_Alpha_2911558_nt373_E6_VE|1
ACAAAAGAATCCATAGATACCCAGCAAATCAGATGCTACATGTGTACAAAACCACTCACC
>HPV15_Beta_396924_nt561_E6_VE|1
GAGCAATTCCACAAGGTTAGACGCAATTGGAAAGGATTGTGTAGACATTGTAGGGCGATA

>HPV43_Alpha_40804474_nt373_E6_VE|1
GAAGAACTAAGCAAACAGTGTGTTGATTGTGCATTAGATGCTGTAAGTGCCACAAGCCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt343_E6_VE|1
TACGGACCCACTGTGGAACAGACAACAGGACGGTCATTAGCTGAACTATATATACGGTGC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt272_E6_VE|1
ACAGGCGTATCATTTGGCACACTTAAATATAAGGTGCCATGCGTGCTTTAAACCATTGTGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt104_E6_VE|1
ATGGAAAAGTGCAAATGCCTCCACGTCTGCAACGACCATAGACCAGTTGTGCAAGACGTTT
>HPV47_Beta_333062_nt509_E6_VE|1
GCTACAGGCCTTTCCATTTTTGAGATTGACATAAGGTGTCATACCTGCCTGTCATTTCTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt463_E6_VE|1
GATGAAAACAAACGGTTTCACCAAATAGCGGATCAGTGGACCGGACGCTGTACACAGTGC
>HPV76_Beta_2911551_nt201_E6_VE|1
ATGGCTAGACCTGCTAAGGTATGTGAGCTTAGCCAACTCTTAAATATACCCATTTCTTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt255_E6_VE|1
AGAGACAATTTGGTGTGTTGGATGCTGTCAAGGGTGTGCTAGAACTGTTAGCCTATTGGAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt272_E6_VE|1
AGATACTGGGACTACTCCAGCTATGCACCCACAGTGGAGTATGAAACAGGGATACCAATA
>HPV5_Beta_9627145_nt591_E6_VE|1
GGCAGAGGCCTTCCCTTTTCATAAGGTGAGGAACGCCTGGAAGGGAATCTGTAGGCAGTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt204_E6_VE|1
AAGCAACAGTTACTGCGACGTGAGGTATATGACTTTTGCTTTTCGGGATTTATGCATAGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt106_E6_VE|1
ATGGCGCGCTTTGAGGATCCAACACGGCGACCCTACAAGCTACCTGATCTGTGCACGGAA
>HPV93_Beta_37089393_nt106_E6_VE|1
ATGGTATATAAGGCAGACATCTTAATGGCGGCAGTAAGTAAACCTCAGACCATTACAGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt438_E6_VE|1
AGGGGTGAGTGTTTCCATCTTGTGAGAAACACTTGGAGGGGAACGTGCAGAAATTGTTGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt458_E6_VE|1
GAAAAGCGACGATTTTCAGAAATAGCAGGGCAGTGGAAAGGGTTGTGTACAAATTGTTGG
>HPV38_Beta_1020234_nt231_E6_VE|1
CAGCTCAGTGATAAGTTAACAGTTCCTGTAGAGGATCTGTTATTACCCTGTAGATTCTGC
>HPV21_Beta_1020170_nt291_E6_VE|1
CCACCATTACCAGCTACAATTTCGTGACCTAGCCAATCTGTTAGAGATACCATTGGATGAT
>HPV65_Gamma_312100_nt433_E6_VE|1
GAGAAATTAGACTTGCTGTACTCTGACCAGGCCTGCTACTTAATAAGGGGTTTGTGGAGG
>HPV10_Alpha_9627257_nt253_E6_VE|1
TTGGTGTGGAGAGCGGGAGTGCCATACGGTGCCCTGTGCACGGTGTGTTACTCCTACAGGGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt373_E6_VE|1
ACAGGCAAATCATTAGCAGAACTATATATAAGGTGCCATGCATGCTGCAAACCCCTAAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt463_E6_VE|1
GCAAACAAGCGATTTTCATAATATTATGGGTCGTTGGACAGGGCGCTGTTTCAGAGTGTGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt103_E6_VE|1
ATGCTGTTTCCCAATTCAGAAGAACGACCATACAAGCTACAAGCGTTATGTGACGAAGTG
>HPV39_Alpha_333245_nt468_E6_VE|1
CTAAATAGCAAACGAAGATTTTCATAAAATAGCAGGAAGCTATACAGGACAGTGTGACGG
>HPV25_Beta_396948_nt411_E6_VE|1
GAATATCTTGTGTATGCCTGCTGCTGCTGTTGTTGCACAGCAACTGCCACATTTGAATTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt92_E6_VE|1
GACTGTGTCTATTGCAGAAGGCAACTACAACGGACAGAGGTATATGAATTTGCCTTTAGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt343_E6_VE|1
GACAGATCAGCATTTTGGCATACAGTAGAACAAAGAAACAGGACTACTGTTGGAAGAACAA
>HPV12_Beta_396910_nt531_E6_VE|1
AGGTGTCAGACGTGCTTGTGATTTTTAGATACAATTGAAAAGTTAGACAGCTGTGGTTCGG
>HPV14D_Beta_396918_nt207_E6_VE|1

CTGACTCTTCAACAGACAGTGCAGATGAAGGTCCTTCTCCTAAGAGTAACTATTGTGATA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt208_E6_VE|1
GAATTAACAGAAAAGCGAATTGCTGGCGTTTGCATTAAGGGAATTATTGCTGGTGTGGAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt258_E6_VE|1
GCGTGTGTGTCCCTTGTCTAGGCTTTCTGCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTTACCGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt302_E6_VE|1
TTATTGATAAGGTGCATGAGTTGCCTGAAACCATTGTGTCCAGCAGAAAACTAAGGCAC
>HPV110_Beta_186461194_nt323_E6_VE|1
TGGACTGAGGAAGATTTTGTTCATGCTGTAGTAGTTGTGCTCATGCTACAGCGCAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt212_E6_VE|1
GTGCGGGAAGTACGGCACTGGAAGTACTCCAGCTACGGCGCAACGGTTGAAGAAGAAACC
>HPV12_Beta_396910_nt591_E6_VE|1
GGCCTTCCGTTCCACAAGGTTAGAGACAGGTGGAAGGGAATTTGCAGACAGTGCAAGCAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt403_E6_VE|1
ATAAGGTGTCATAGATGTCAGAGACCACTTGGGCCTGAAGAAAAGCAAAAGGTGGTGGAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt463_E6_VE|1
AAGCGAAGACTACACAAAATTTCTGGATACTGGAGAGGGAGTTGCCTGTATTGTTGGTCA
>HPV8_Beta_333074_nt272_E6_VE|1
GCGGCTTTAGGTATTCCATTGCAGGACTGTTAGTACCGTGCAACTTTTGTGGTAACTTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt493_E6_VE|1
TCGTGGACAGGGTACTGTCTGCACTGTTGGAAGAAATGCATGGAGAAAGGCCAACGCTCG
>HPV37_Beta_1020226_nt531_E6_VE|1
TTAGAGAAAGTTGGAGACTTGCTATACTCAGCAACAATTTCAAGGTTAGGCGCAATTGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt2_E6_VE|1
ATGGAAAGTGCAAATGCCTCCACGTCTGCAAAAAGTATAGACCAGTTGTGCAAGGACTGC
>HPV92_Beta_27531786_nt437_E6_VE|1
AAATTGGCAGTTTGTGCATCAGGCATTCCTTTTGATAGAGTTAGAGGAGCTTGAAGGCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt403_E6_VE|1
TTAATAAGGTGCGGAAAATGCCAAAACCACTGTGTCCATTGGAAGCAAGGCATGTA
>HPV56_Alpha_397053_nt433_E6_VE|1
AGTCCGTTAACTCCGGAGGAAAAGCAATTGCATTGTGACAGAAAAAGACGATTTTCATCTA
>HPV39_Alpha_333245_nt138_E6_VE|1
CCATACAAATTGCCAGACCTGTGCACAACGCTGGACACCACCTTGCAGGACATTACAATA
>HPV49_Beta_9627363_nt201_E6_VE|1
ATGGCTAGACCTGTTAAGGTATGTGAGCTAGCCCACCACTTAAATATACCTATTTGGGAA
>HPV25_Beta_396948_nt291_E6_VE|1
GCAGCTTTATTGGAATTCATTAGATGATTGCTTAGTACCTTGCAACTTCTGTGGCAAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt166_E6_VE|1
CTGGACACATCACTGCAAGATATAGAAATAAGCTGTGTATATTGTAAAAAGCGTCCTGCAG
>HPV22_Beta_1020178_nt450_E6_VE|1
TATCAAGTTACTTTGTATGGTTCGTGAAATTGAGCAAGAAGAACAACGACCTGTAGGCCAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt478_E6_VE|1
CACAAAATAGCTGGGAAGTGGACAGGAAAGTGCAGCAACTGTAGGGCAATATGCATGGCC
>HPV58_Alpha_222386_nt471_E6_VE|1
TTAAACAAAAGGTTTCATAATATTTCCGGTCGTTGGACAGGGCGCTGTGCAGTGTGTTGG
>HPV65_Gamma_312100_nt253_E6_VE|1
TTCAGGGGGGTTGCTACTATGCATGCTGTCTGAATGCTTACGTTTAAGTGCAAGATTT
>HPV42_Alpha_333211_nt109_E6_VE|1
GGCAGAATGTCAGGTACATCTGCCTCATCACAGCCACGCACATTATACCAATTGTGTAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt103_E6_VE|1
ATGGACCTGACATCTGTACATTGCGTTCCGGATCTGAGTTCTGCTCTCCGTATCCCATTT
>HPV56_Alpha_397053_nt463_E6_VE|1
CATTGTGACAGAAAAAGACGATTTTCATCTAATAGCACATGGTTGGACCGGGTCATGTTTG
>HPV36_Beta_1020218_nt381_E6_VE|1
CTTAGTTTAATTTGGAAGGATTACTGTGTATTTGCCTGCTGTGCTGTTTGTGTTGGTGCA

>HPV71_Alpha_12084981_nt503_E6_VE|1
TAGCAGGCCATTGGCGCGGTGCTTGCTTACAGTGTGGAAACCATGCGAGGCCAACAATG
>HPV80_Beta_2911565_nt561_E6_VE|1
CAGCAATTCCATAAGGTAAGGCGCAATTGGAAAGGATTGTGTAGACATTGTGGGTCGATA
>HPV9_Beta_9627396_nt381_E6_VE|1
GAGGATTTGGTGTATGGACTCTGTAGTAGCTGTGCTTATGCGTCTGCACAGTTAGAATTT
>HPV81_Alpha_40804509_nt283_E6_VE|1
AAGAACTGGCCATTTGGAGTATGCGCAGCGTGCTTGTGCAGAGAAGCTAAAGTACGGGAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt163_E6_VE|1
TGTAAGGAGTGTGAAGTGGACCTAGACGACCTGCAACTGACCTGCATATTTTGCAAAAAG
>HPV8_Beta_333074_nt542_E6_VE|1
TTGTCATTTTTGGATATCATAGAGAAATTAGATTGCTGTGGGAGAGGCCGTCCTTTTCAT
>HPV76_Beta_2911551_nt531_E6_VE|1
CTTGATCATTTGTGCACAGCAAAGAGAGTTTCACAAAGTTAGAAATAGGTGGAAAGGGGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt326_E6_VE|1
GAGGCTGAAACCAAGACACCGTTACATGAGCTGCTGATACGCTGTTATAGATGCCTAAAA
>HPV39_Alpha_333245_nt108_E6_VE|1
ATGGCGCGATTTACAAATCCTGCAGAACGCCATACAAATTGCCAGACCTGTGCACAACG
>HPV53_Alpha_9627377_nt193_E6_VE|1
CAACTTGGCTGTGTGTTCTGCAAGAAGGCATTGACAGCGTCAGAGGTATATAATTTTGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt296_E6_VE|1
TATAGAGATTCCGTGTATGGAGAAACATTAGAGGCTGAAACCAAGACACCGTTACATGAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt92_E6_VE|1
TTTTGCAAGGAAGAATTAACGGAAGGCGAAGTGCTGGCCTTTGCAGTAAAGGAATTACTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt362_E6_VE|1
CTTAAAGACAAACGACGATTCCACCACATATCTGGTTATTATAGAGGCCAGTGCAATTCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt272_E6_VE|1
CGCACAGCATTACCACAGCTGTATATGAGATGCTATATGTGCCTGAAGCCGTTGTGTAGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt373_E6_VE|1
ACCAAACAATCTATATATACACAGCTGATCAGATGCTACATGTGTCAAAACCGCTGGTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt488_E6_VE|1
CAGTGGAAGGGTTGTGTACAAATTGTTGGAGACCAAGGCGCCAAACAGAAACACAAGTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt32_E6_VE|1
CCCTACAAGTTGCCAGACCTGTGCACAGAATTGAATACTTCATTACCTGAAATAGAGATA
>HPV107_Beta_126131393_nt320_E6_VE|1
CAGCTTACACAGCATCTTAATATACCAGTGGAAGACTTACTGGTACCTTGCAAATTTTGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt98_E6_VE|1
ATGTTTCGAGGATCCTAGAGAACGACCCAGAACGCTACATGAGCTATGTGAAAGCTTGAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt392_E6_VE|1
TCTGGTTATTATAGAGGCCAGTGCAATTCGTGTTACAACCAATCACGGCAAGAAAGGCTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt463_E6_VE|1
CGCAAAAAGCGATTTTCATAATATTTCCAATCGTTGGACAGGACGGTGTTCAGTGTGTTGG
>HPV23_Beta_1020186_nt471_E6_VE|1
CAATTTTATCAGCTAACTGTGTATGGTCGTGAAATTGAGCAGGAGGAGCAACGACCTATA
>HPV5_Beta_9627145_nt561_E6_VE|1
CTTGACATTATAGAAAAGTTAGATTGCTGTGGCAGAGGCCTTCCCTTTCATAAGGTGAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt257_E6_VE|1
GAGAATTATGCTTATGCTTGCTGTGGTGCTGTGCTAAACAAGTAGCAGCAATAGAAACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt212_E6_VE|1
GTGCGAGAGCTACGGCACTGGAGCCACTCAAGCTACGGGGCAACAGTAGAAGAAGAAACA
>HPV12_Beta_396910_nt561_E6_VE|1
ACAATTGAAAAGTTAGACAGCTGTGGTCGGGGCCTTCCGTTCCACAAGGTTAGAGACAGG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt362_E6_VE|1
AATCTGCATTTTCATAAAATAGCAGGCCAGTGGACGGGAAAGTGCAGCAACTGTAGAGCA
>HPV15_Beta_396924_nt351_E6_VE|1

TGGACTGAGGAAGATTTTGTGTTTTGCCTGTTGTTCTAGTTGTGCATTTGCTACAGCGCAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt133_E6_VE|1
AGTACATTATACCAATTGTGCAAAGATTTTGGGCTGACCCTGCGGAATTTACAAATCTGC
>HPV30_Alpha_396973_nt433_E6_VE|1
CAGCCGTTGACACCAGAGGAAAAACAGTTACACTGTGAATATAAGAAACGGTTTCACAGA
>HPV77_Alpha_2911558_nt133_E6_VE|1
ATATTCTGTGTGCAGAGACAGTGGAATACCGTTCGACGACCTTCGCCTACTGTGTGTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt463_E6_VE|1
GATGAAAAAAAAACGGTTTCATCAAATAGCAGAACAGTGGACCGGACGCTGTACACGGTGC
>HPV94_Alpha_40804528_nt424_E6_VE|1
AAGGAAGAAAAGGACAGACATCGTAACGAACGGCGACGACTGCACAAAATATCAGGGTAC
>HPV45_Alpha_397022_nt433_E6_VE|1
CCATTGAACCCAGCAGAAAAACGTAGACACCTTAAGGACAAACGAAGATTTACAGCATA
>HPV97_Alpha_71726694_nt2_E6_VE|1
ATGGCGCGATTTGAAGATCCAAGCAAACGGCCCTACAAGTTGCCAGACCTGTGCACAGAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt272_E6_VE|1
AACACACCGTTGGCCCAGCTGTATATGAGATGCTATATATGCTGTAAGCCGTTAGGCAGC
>HPV8_Beta_333074_nt572_E6_VE|1
GATTGCTGTGGGAGAGGCCGTCCCTTTCATAAAAGTTAGAGGAGGCTGGAAAGGAGTTTGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt463_E6_VE|1
CACTTCCACTATATAGCTGGACAGTGGACGGGAAGGTGTTGCCAGTGTAGAGGGCCATGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt473_E6_VE|1
TAATTACAGAAGGCAGGCGATTTTCATAAAATAGCAGGCCATTGGCGCGGTGCTTGCCTAC
>HPV2_Alpha_9626032_nt390_E6_VE|1
ATACCTCAGCTGTTTATGAGATGCTATATTTGCCATAAGCCCCTGAGCTGGGAGGAGAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt650_E6_VE|1
CAGTTTTTTAAGGTGAGAGGTAATTGGAAGGGATTGTGTAGACATTGTGAGGCGATAGAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt463_E6_VE|1
GGAATCCACTTCCACAAGATAAGCGGACTGTGGACGGGAAGGTGCTGCCAGTGTAGAGGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt463_E6_VE|1
GAAAAGCGACGGTTCATGAAATAGCAGGGTACTGGAAAGGGTTGTGCACAAACTGCTGG
>HPV17_Beta_396932_nt561_E6_VE|1
CAGCAGTTTCATAAGGTTAGACGCAATTGGAAAGGCTTGTGCAGACATTGTGGGTCGATA
>HPV38_Beta_1020234_nt351_E6_VE|1
TGGACTCAAGAGGATTTTGTGTTTTGCATGTTGTAGCAGTTGTGCTTATGCTTCTGCTCAA
>HPV59_Alpha_557236_nt476_E6_VE|1
TGTCGGACCCGAGCAAGACACCTAAGACAGCAACGACAAGCGCGTAGTGAAACACTGGTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt2_E6_VE|1
ATGGCGCTATTTCCACAACCCTGAGGAACGGCCATACAAATTGCCAGACCTGTGCAGGACA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt388_E6_VE|1
TTGGCACTTCAAAATATAAGGTGCCATGCATGCTGCAAACCATTGTGCTGGCCCGAGAAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt253_E6_VE|1
ATTGTGTGGCGGGACAACCTGGCCATTTGGAGTCTGCGCACCATGCCTTGCAAGAGCAACT
>HPV84_Alpha_12958167_nt2_E6_VE|1
ATGCCCCAACGGACGCTACCACCCCACCAATATTTTTGTGCTGTGCCAGGAATACGAGGTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt362_E6_VE|1
GGAGTGCCTTCCACAAAATAGCAGGAGTGTGGACAGGACGGTACCGCAATTGTAGAGGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt133_E6_VE_rc|1
ACACAATACCTGAATATTGTGCATAGACGTATTGCAGGCTTCACATAATTCGTGCAGCGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt242_E6_VE_rc|1
GGGTGCATAGCTGGAGTAGTCCAGTATCTAAATTGTCTAAGTTTTCCAGCTGCTTTCAG
>HPV35_Alpha_333050_nt111_E6_VE_rc|1
TTCTACCTCGTTGCACAAATCATGCAGTTTGTAAAGGTCGTTACAGCTGGGTCCTGAAACAT
>HPV92_Beta_27531786_nt107_E6_VE_rc|1
GTCCTCCAATGGAATATCTAACTGTCTTCTAAGTTCCTGCACCGAAGGAGGTTTTGCCAT

>HPV43_Alpha_40804474_nt223_E6_VE_rc|1
CGGATATCCGTCGCGCCACACAACCTTTAAATCTCTAAATGCAAACGATAATACTTCCGT
>HPV40_Alpha_397014_nt343_E6_VE_rc|1
CCTTACTTGTAATAATGGTTAATCCTGTCTCTTCTTCCACGGTTGGTGCATAGGCTGCGTA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt448_E6_VE_rc|1
CTTTCCTGTCCACTTCCCAGCTATTTTGTGGAAGTGCAGATTTCGCGTGTATCATATGCTC
>HPV70_Alpha_1173493_nt108_E6_VE_rc|1
CGCCGTGCACAGGTCAGGCAATTTGTATGGCCGTTCTGCAGGATTGGGAAATCGCGCCAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt32_E6_VE_rc|1
CACGCAGGTTATGTTTCAGGTCCTGCAGGTCCAGTTCATAGACTTTGCACAATAGGAAGAT
>HPV38_Beta_1020234_nt561_E6_VE_rc|1
TATTGCTTTGCAATGCCTGCACCTTCCTTTCCAATTGCCTCTAACCTTGTGAAATGCTTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt332_E6_VE_rc|1
ATAAAATTTTAAGCAGGCCAAACACGCTGCAAACGGATAACTGTGCGCCACACAACCTT
>HPV51_Alpha_333087_nt398_E6_VE_rc|1
GTCCACCAATTTTTGCTTTTCTTCAGGCCCAAGTGGTCTTTGACATCTATGACACCTTAT
>HPV45_Alpha_397022_nt103_E6_VE_rc|1
TTCTGTGCACAAATCTGGTAGCTTGTAGGGTCGTTGCTTTGGATCGTCAAAGCGCGCCAT
>HPV40_Alpha_397014_nt403_E6_VE_rc|1
TACAATATGGTTGGTTTTTTCACGGGAGACAAAGGCTTGTGGCACTTGCAGCATCTAAT
>HPV20_Beta_1020162_nt441_E6_VE_rc|1
AAATTGATTAAACTCATATGTCGCTGTTGCCGAGCAGCAAACACGACAGCATGCAAAAAC
>HPV8_Beta_333074_nt602_E6_VE_rc|1
CCAATCATGATACAAATGCTTACAAAGCCTGCAAACCTCTTTCCAGCCTCCTCTAACTTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt163_E6_VE_rc|1
ACTGGTTAAGTGGTTTTTACACCAAATACAGCAGATTTGTAAATTCCGCAGGGTCAGCCC
>HPV33_Alpha_333049_nt110_E6_VE_rc|1
CTCCAATGCTTGGCACAAATCATGCAATGTTTCGTGGTTTTTTCCTCAGTGTCTTGAAACAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt433_E6_VE_rc|1
CGCTATTTGGTGAAACCGTTTGTTCATCTACATGCCTTTGCTTTTCCAATGGACACAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt433_E6_VE_rc|1
TCCCGCTATTTTCATGAAACCTTTTTTTGTGTCGTCACCACCTTTTGCTTTTCTTCAGGCCC
>HPV47_Beta_333062_nt479_E6_VE_rc|1
GTCAATCTCAAAAATGGAAAGGCCTGTAGCTAGCTCAATATCTCTACCTAACACTGTTTG
>HPV94_Alpha_40804528_nt244_E6_VE_rc|1
GCCCTGCAGAAAGTAAACACCGGGCACAGGCACCGTATGGCACTCCCGCTTTCCACACCAA
>HPV59_Alpha_557236_nt446_E6_VE_rc|1
CTGTCTTAGGTGTCTTGCTCGGGTCCGACACCCACGACACTGTCTGTATATATTCAGC
>HPV44_Alpha_1020242_nt106_E6_VE_rc|1
GCACTCCTTGACAACTGGTCTATACTTTGTGCAGACGTGGAGGCATTTGCACCTTCCAT
>HPV93_Beta_37089393_nt466_E6_VE_rc|1
TCCTTTCCAGCCCCTCCTCACTTTGTAAACAATAGAGATCTACCACAGATATCAAGCTT
>HPV20_Beta_1020162_nt201_E6_VE_rc|1
CTCTCCAATATTAGATGGTCCTTCATCAGCGCTGTCTTCTGAAGAAGGAGGTGTAGCCAT
>HPV38_Beta_1020234_nt261_E6_VE_rc|1
ACGTAATTCAATGTACGTGAGGAACTGTTGCAGAATCTACAGGGTAATAACAGATCCTC
>HPV27_Alpha_396964_nt400_E6_VE_rc|1
CTTCTCCTCCCAGCTCAGGGGCTTATGGCAGATATAGCATCTCATAAACAGCTGAGGTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt343_E6_VE_rc|1
CAGACGGCTGGCTGCACAAGACACTTCGTGCCGTGCAGTGAACCTCCAGCCTTGCAAGCAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt433_E6_VE_rc|1
AACACAGTGGAATCGCCTGTTGTAATCTACGTGCCGTTGCTTTTCCACGTTGCACAAAGG
>HPV15_Beta_396924_nt201_E6_VE_rc|1
TAAAGGTATACACAGAGTGTCTGCAAGCTGCTGCACAGAAAAAGGCTTTGGCCTATCCAT
>HPV96_Beta_50253426_nt210_E6_VE_rc|1

TTGCCAACAACTCTCAAGATAAACTTTTGGCAACCGAGAGAGTTGCGAAACTTACCGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt403_E6_VE_rc|1
TTCGTTACGATGTCTGTCTTTTTCTTCCCTTACCAGCGGTTTGTGACACATGTAGCATCT
>HPV5_Beta_9627145_nt381_E6_VE_rc|1
GGCGCCACAGCATACGCGACAGCAGCAAACACACAATAATCTTTCCAAATTAGACTAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt373_E6_VE_rc|1
GTCGCTGAGGCTCTGTCTTATAAAAGTGCAGCAGCGCTGGCTGCACAAGACACTTCGTG
>HPV7_Alpha_9627389_nt223_E6_VE_rc|1
AAAAGGAAAAGTCGTTGCGCCACACTACATATAACTCTCTAAATGCAAAGGCCAGCACCTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt112_E6_VE_rc|1
AAAAGAAATGTCAAATCTCCTGCAGTACTCGTCCAAGGTTGTAGGTCTGCCATTTGCCAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt403_E6_VE_rc|1
TGTCTGCACCTGATATTCCTTTTCCTGCAGCTTAGGGGTTTGCAGCATGCATGGCACCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt163_E6_VE_rc|1
GTTTCTGTCCAAAGTTTTTTTGCAGTGCACGCAGGGCAAACCTTATTTTCATGCACCGTGGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt302_E6_VE_rc|1
TTCAGTATAAGCCGTTTCCTTTTCCTCACTGCACAGTGGTTTATGGCACAGGTAGCATCT
>HPV28_Alpha_1020202_nt343_E6_VE_rc|1
GCATCTCACTTGCTGTGTATCTATAGATTGTTTTGTCTCCTCTTCCACGCCTTCCACATA
>HPV11_Alpha_333026_nt493_E6_VE_rc|1
GGGTAACAAGTCTTCCATGCATGTTGTCCAGCAGTGTAAAGCAACGACCCCTCCACTGGTT
>HPV80_Beta_2911565_nt351_E6_VE_rc|1
TTGTGCAGTAGCAAAAGCACAACTGCTACAACAAGCAAAGACAAAGTCTTCTTCAGTCCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt32_E6_VE_rc|1
TATTGTAAACGTCATGCAATGTAGTGTCCAATGTCCTGCACAGGTCTGGCAATTTGTATGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt494_E6_VE_rc|1
GGGTAACATGTCTTCCATGCATGTTGTCCAGCAGTGTAGGCAGCGACCCCTCCACGTACA
>HPV63_Mu_9626605_nt253_E6_VE_rc|1
AAGCAGACTAACATGCCTAGCACAGCACTGACAACAAGCAAACACGAAATTATCTCGCCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt133_E6_VE_rc|1
CCCAATTTGCAGAGTAGGCAAAGTTATGTTACACTCATCACACAACCTCAAATATAGTCCG
>HPV34_Alpha_9627334_nt103_E6_VE_rc|1
GACCTCTTCACATAAGGCTGGTAGCTTGATGGCCGTTTCCTCAGGATTGGGAAAAAACAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt313_E6_VE_rc|1
CGCTTCCAGTGTGTCACCATACACAGACGATGTGTAGCGTCTATATTCTATTATTTTTGA
>HPV51_Alpha_333087_nt98_E6_VE_rc|1
GTTCAAAGCTTCACATAATTCATGCAGCGTTCGTGGTCTTTCCCTCTTGTCTTCGAACAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt373_E6_VE_rc|1
GACAAGTGGCTTGTGGCACATGTAGCAGCGAATTAGCTGTGTATATATGGACTCGTTTGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt32_E6_VE_rc|1
ATAAATGCAAAGCAGTCGTAAGTCCTCCAAATCCACTTCACATTCTTTGCACAGCACAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt261_E6_VE_rc|1
CAAGAGATCTACCACTGGTACTGTCAACTTATCACTAAGTTGCTGTACCGTCAGTGGTCG
>HPV84_Alpha_12958167_nt272_E6_VE_rc|1
GCACAATGGCTTGCAGCACGCGTGGCACCTTATATTTATTTGTGCAAGTGGTAATCCTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt263_E6_VE_rc|1
CCAAACAGCAGGCACATGCAGCAAACGGAAACCACTTCTCCACACAACCTTTCAGCTCCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt302_E6_VE_rc|1
AAACGGATAACTGTCGCGCCACACAACCTTTAAATCCCTAAATGCAAACGACAACACTTC
>HPV37_Beta_1020226_nt561_E6_VE_rc|1
TATCGACCCACAATGTCTACACAAGCCTTTCCAATTGCGCCTAACCTTGTGAAATTGTTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt212_E6_VE_rc|1
TTCTTCTTCCACTGTTGGTCCAAAGCTGGAGTAATCCCAGTGGCGTAGCTCACGTACTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt172_E6_VE_rc|1
AGCAAGCTCTGCAAGATCAACCGGATGAAAGCAAAAATACAAGGAAGACGCAAATCAAA

>HPV21_Beta_1020170_nt201_E6_VE_rc|1
TAAATGTCTACGCTTAGGAGAAGGACCTTCGTCAGCACTGTCTGTTGAAGAGTCAGCCAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt103_E6_VE_rc|1
AAAGGAAATGTCGAATCGTCTGCAGAAGTCGTCCAAGGTTGCAGGTCTGCCATCTGCCAT
>HPV12_Beta_396910_nt381_E6_VE_rc|1
TGCAGTAGCTGCGCAACAACCTTCGACAGCAAGCAGTAACAAAATGACCTTTCCAAATTAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt313_E6_VE_rc|1
TTCTACTGTATGCCAAAATGCTGATCTGTCTGCTAGTGTCTGCAGTGCACACACTTTAGAATA
>HPV22_Beta_1020178_nt240_E6_VE_rc|1
AGGTAGCAAAAAGATCTACTACAGGTACAGTCAACTTATCTACTAAGTTGCTGTACTGTCAG
>HPV20_Beta_1020162_nt231_E6_VE_rc|1
CAATGGTGGCTCTAAGATTGGAGGTTTTGCCTCTCCAATATTAGATGGTCCTTCATCAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt283_E6_VE_rc|1
GAAAGACTCCTGATAATAAAGCATAACTCAAGCAGACTAACATGCCTAGCACAGCACTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt493_E6_VE_rc|1
CAATCCCTTCCAATTACCTCTCACCTTATAAACTGCTGATGCCTAGCACAAATTGTCTAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt253_E6_VE_rc|1
CGCTGCGCATACTCCAAATGGCCAGTTCTTTCGCCACACCAAGTTTAGCTCTCTTATTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt105_E6_VE_rc|1
AATATATGGGATACAGAGGCTTTCGGAAAGCTGTCTGACGGTCCGGATTGGTGTCTGCCAT
>HPV107_Beta_126131393_nt620_E6_VE_rc|1
CTTCCAATTACCTCTCACCTTAAAAAACTGCTGATGCCTAGCACAAATTGTCTAACTTCTC
>HPV22_Beta_1020178_nt390_E6_VE_rc|1
ATACTGCTGAAATTCAAATTGGGCTGAAGCGTAGGCACAGCCGCTGCAACATGCAAACAC
>HPV33_Alpha_333049_nt470_E6_VE_rc|1
CCAACACGCCGCACAGCGCCCTGCCCAACGACCCGAAATATTATGAAATCGTTTGTTTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt163_E6_VE_rc|1
ATCTTCTATTGGTATTTCTAAATGCCGACTCAGAACTTGACTGTTCTAGGCCTCTCCAT
>HPV96_Beta_50253426_nt270_E6_VE_rc|1
CTGTATATAAAATGTCCTAGAAACGCAGGCGGTTACTTGTTTATGAGTGGCAGGTTGTAA
>HPV20_Beta_1020162_nt621_E6_VE_rc|1
CAGCCTACAGATTCCTTTCCAAGAGCCTCTCACTAAATAAAATGGACGCTTCTGCCACA
>HPV41_Nu_9626041_nt403_E6_VE_rc|1
AGCTAGGCACCTCACACACCTCACCTCAAGGTCGCTGAGGCTCTGTCTTATAAAGTGCGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt406_E6_VE_rc|1
GTGTCTAAGTTTTTCTGCTGGATTCAACGTTTCTGGCACCGCAGGCACCTTATTAATAA
>HPV93_Beta_37089393_nt136_E6_VE_rc|1
TTCTAACGGTATACCAAGACACCTAGCAAGCTCTGTAATGGTCTGAGGTTTACTTACTGC
>HPV51_Alpha_333087_nt458_E6_VE_rc|1
CCAGCAATTAGCGCATTGCCCCGTCCAACGTCCTCGCTATTTTCATGGAACCTTTTTTTTTTC
>HPV65_Gamma_312100_nt103_E6_VE_rc|1
AAAAGAAATATCAAATCGTCTGCAGAAGTCGTCCAAGCTGCAGGTCTGCCATCTGCCAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt362_E6_VE_rc|1
TTTCCAACACTGCAGGCAAGCGCCTCGCCAAAGCCCAGCTATTTTATGGAACCGTTTGCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt403_E6_VE_rc|1
CTGTTTTTCTCTGGTGTCAACGGATGTTGACATCTGTAGCACCTTATTGATAAATCAGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt103_E6_VE_rc|1
TTCCAAAGCTTCACACAATTCTGTGAGGTTGCGTGGTTTTTCGTCTGTGTCTGAAACAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt463_E6_VE_rc|1
ATGTAGACACCTACCCTTCCAATAGCCTCTAACACAGTGGAATCGCCTGTTGTAATCTAC
>HPV8_Beta_333074_nt392_E6_VE_rc|1
ATTAAATTCAAACGTTGCGGTTGCTACACAACAACGACAACACGCAGTAACAACGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt392_E6_VE_rc|1
TATCCTGGATGGTCGGCGTGCAGGCGTGCATATTACCCTGCAGTTGCAACACTTTCCTGT
>HPV80_Beta_2911565_nt201_E6_VE_rc|1

TAAAGGTATACAAAGAGTGTCTGCAAGCTCCTGCACAGAAGAAGGCTTTGGCCTATCCAT
>HPV5_Beta_9627145_nt411_E6_VE_rc|1
ATAAAATTGGTTAAATTCATAAGTTGCAGTGGCGCCACAGCATAACGCGACAGCACGCAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt376_E6_VE_rc|1
GCGACACCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTTCCTTAACCTTCTATTGCCAGCC
>HPV49_Beta_9627363_nt501_E6_VE_rc|1
AAACTCTCTGTGCTGTGCACAAATATCAAGCTTTTCCAACAAATCTAGCCTCTTAAGGCA
>HPV40_Alpha_397014_nt223_E6_VE_rc|1
GTGTGGAAAGTCGTCGCGCCACACAACATATAACTCTCTAAAGGCAAAGGCCAGTACCTC
>HPV21_Beta_1020170_nt441_E6_VE_rc|1
ATATTCATATGTCGCTGTTGCTGCGCAACAAACACGACAACAGGCAAACACACAATGATC
>HPV30_Alpha_396973_nt163_E6_VE_rc|1
TAATTCCTTCTTGCAATATACACACTGTAGCTGTAGCTCCAGCAACGATGTTTCTTGATC
>HPV17_Beta_396932_nt351_E6_VE_rc|1
CTGTGCTGTAGCATACGCACAACACTACTGCAACAGGCAAACACAAAATCTTCTTCAGTCCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt403_E6_VE_rc|1
AATATGCTGTACTTTTTCCACTGGTGATAATGGCTTGTGGCACTTACAGCATCTAATGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt433_E6_VE_rc|1
TATGTAATCCTTTTCCACAGATTGTAGAAGGCTAGGCACCTCACACACCTCACCTCAAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt313_E6_VE_rc|1
GGCCTCTAATGTAGCACCATACACAGACCTACTATACCTTCTGTATTCTCTAATTCTAGA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt325_E6_VE_rc|1
CTGCTTTTTGTCAAACCTCGCAAACCTCCAAAAAATCTAAGAACCTTCCACAGAAGTTGCA
>HPV111_Beta_186461202_nt157_E6_VE_rc|1
TACAGGAATTGCTAGTGTGTCTGCTAGTTTCCTTTACTGTCCTAGGCTTTGGCCTATCCAT
>HPV14D_Beta_396918_nt447_E6_VE_rc|1
TAAACTCATACGTTGCTGTTGCTGTGCAGCATACACGGCAACAAGCAAATACACAATGAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt182_E6_VE_rc|1
GTTACACTGGTCACACAACCTCAAATATGGTCTTAGCGTTTTGGGAGCAGCTACGTGCAGA
>HPV52_Alpha_397038_nt103_E6_VE_rc|1
TTCCAGCACCTCACACAATTCGTGCAGGGTCCGGGGTCGTGTTGCTGGATCCTCAAACAT
>HPV56_Alpha_397053_nt103_E6_VE_rc|1
CTCACTCAAGTGGTGCAGGCTTCGTGGACGTTCTGTGGATTGTTGAATTGTGGCTCCAT
>HPV23_Beta_1020186_nt501_E6_VE_rc|1
ACAATACTGACACCTAATACAAATTTGGCCTATAGGTCGTTGCTCCTCCTGCTCAATTTT
>HPV110_Beta_186461194_nt173_E6_VE_rc|1
AACAGGAATGCATAATGTATCTGCAAGCTGTTGTACTGTCAAAGGCTTTGGCCTGGCCAT
>HPV31_Alpha_333048_nt109_E6_VE_rc|1
TTCCAATGCCGAGCTTAGTTTCATGCAATTTCCGAGGTCTTTCTGCAGGATTTTTGAACAT
>HPV25_Beta_396948_nt591_E6_VE_rc|1
GATTCCTTTCCAAGAGCCTCTTACTAGATGGAAAGGACGTCTTCTGCCACAAATATCAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt360_E6_VE_rc|1
GTAGGCACAGCCGCTGCAACATGCAAACACAAAGTCCTCGTCTGTCCAAATTAATTGCAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt493_E6_VE_rc|1
AGCTTGTCTACTCGTATGTCTCCAACACTGCAAACATGACCCGGTCCATGCATATGCTAT
>HPV55_Alpha_1020266_nt103_E6_VE_rc|1
GCACTCCTTGACAACTGGTCTATACTTTGTGCAGCCGTGGAGGCATTTGCACTTTCCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt259_E6_VE_rc|1
TAAACAAAATGCACATGCAGCATATGGAAAGTCCTTCTCCACACCACTACCAAATCTTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt403_E6_VE_rc|1
CAATTGTTTTTCTCCGGTGTTAACGGACATTGACATCGGTAGCACCTTATTGATAAATC
>HPV18_Alpha_9626069_nt466_E6_VE_rc|1
CGAATGGCACTGGCCTCTATAGTGCCAGCTATGTTGTGAAATCGTCGTTTTTCATTAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt570_E6_VE_rc|1
GTGCCTGCACCTTCCCTTCCAATGATCTCTAACCTTGTGAAATGGTTGATTGGAACAGCA

>HPV102_Alpha_71726718_nt362_E6_VE_rc|1
TGATACCTTACAGTTGCAGCACTTTCTGTCCACTCCCCTGCTATTTTATGAAACCTATC
>HPV82_Alpha_6970427_nt103_E6_VE_rc|1
ATTGCAGGCTTCACATAATTCGTGCAGCGTTCTGTGGTCTTTCTCTTATGTCTTCAAACAT
>HPV47_Beta_333062_nt419_E6_VE_rc|1
TTGATAAAAAACATTAAATTCATATGTGGCAGTTGCTGAGCAGCACAAACGGCAGCAGGC
>HPV23_Beta_1020186_nt291_E6_VE_rc|1
AAGAAACCTAGAACAAAATCTGCAAGGTAGCAAGAGATCTACCACTGGTACTGTCAACTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt198_E6_VE_rc|1
AAAACAAGCACCGCTCCTCCAGACCAAATAAGCTGTTTCTGATAGAACGAACCCAACTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt496_E6_VE_rc|1
GCCTTGCTGTTCTTGTGCACGCGTCATGCACCGGCGACACTGTCTCTATATTTCCCTGC
>HPV19_Beta_396940_nt441_E6_VE_rc|1
CTCATAGAACTCATTAATTCAAATGTTGCAGTTGCTGTGCAACACCAGCGACAGCAAGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt403_E6_VE_rc|1
GTGCCGTTGCTTTTCCACGTTGCACAAAGGTTTATGGCACAGCCAGCACCTTATAAATAT
>HPV30_Alpha_396973_nt493_E6_VE_rc|1
CTCAGTGGACGTTGTGTGTCTCCAGCATTGCAGACATAACCCGGTCCACGTACGTGATAT
>HPV31_Alpha_333048_nt469_E6_VE_rc|1
CCAACATGCTATGCAACGTCCTGTCCACCTCCTCTATGTTGTGGAATCGTTTCTTTTT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt182_E6_VE_rc|1
GTGCTCCAGTGTCTGTAGCTCACGTACCTTGGCTTCTCTGCATATGCATTTTAGGCACAC
>HPV35_Alpha_333050_nt471_E6_VE_rc|1
CCAACAGGACATACACCGACCTGTCCACCGTCCACCGATGTTATGGAATCGTTTTTTTTTC
>HPV38_Beta_1020234_nt441_E6_VE_rc|1
CCTTATAACAATAAGGCCTATTGTCTGTTGCTCCACCTGTTCAATTTACGGCCAAAGAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt253_E6_VE_rc|1
GCCATATAGCAGTAAACACCGTGCACATGCACCGTACGGCGCCCCACCTCTCCACACCAC
>HPV25_Beta_396948_nt231_E6_VE_rc|1
TAGATCAGTAATTGTTGCTGGCAATGGTGGCTGTATAACCTGCGCTTGCTCTGGTGGTCC
>HPV14D_Beta_396918_nt477_E6_VE_rc|1
TGCCTTCAACAGTACTCTCATAAAATTCATTAACTCATACGTTGCTGTGCTGTGCAGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt428_E6_VE_rc|1
CCCTGCTATTTCTGTGAAATCGTCGCTTTTCATCCACAATTCTTTGTTTTCTTCTGGCCC
>HPV28_Alpha_1020202_nt253_E6_VE_rc|1
CACAATGCCCTGCAGTAGTAAACACCGGGCACAGGCACCATAGGGCGCTCCCGTTCTCCA
>HPV33_Alpha_333049_nt140_E6_VE_rc|1
GCACTGTAGTTCAATGTTGTGTATAGTTGTCTCCAATGCTTGGCACAAATCATGCAATGT
>HPV42_Alpha_333211_nt139_E6_VE_rc|1
CTGTAAATTCGCAATGTCAGCCCAAATTCCTTACACAATTGGTATAATGTGCGTGGCTG
>HPV96_Beta_50253426_nt360_E6_VE_rc|1
CAACAGGTCTTCAGTAGGAATGCCCAAATGACTTCTAAGTTGCTGCACTGTCTTTAAATC
>HPV96_Beta_50253426_nt150_E6_VE_rc|1
TAACGGTTCCAAAGTTGGCAGACGTTTTGGCGGGCTTTTCTTGGCAGGTTTAACTGCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt133_E6_VE_rc|1
AAGTTGCAAACTATGCATAGGAATATTGCATACCTTGCACAAATCAGCTAGAGTACGCGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt32_E6_VE_rc|1
ATAAATGCAAAATCAGTCGTAAGTCTTCCAAATCCACCTCGCAGTCTTTGCACAGCAGAAA
>HPV58_Alpha_222386_nt141_E6_VE_rc|1
GCATTTCAATTTCGATTTTCATGCACAGATGTCTCCAACGCCTGACACAAATCATGCAATGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt362_E6_VE_rc|1
TATTACCCTGCAGTTGCAACACTTTCTGTCCACTCTCCAGATATTTTATGAAATCGCTC
>HPV52_Alpha_397038_nt163_E6_VE_rc|1
TCTTCGTTGTAGCTCTTTTTTGCAGTGCACACACTGCAGCCTTATTTTCATGCACCGATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt403_E6_VE_rc|1

ATCCACAATTCTCTGTTTTTCTTCCGGTCCCAATGGTATTTGGCATCTATGACACCTTAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt304_E6_VE_rc|1
CTCCTCTTCCACGCCTTCTACATAATATGAATATTGCCAATATTTTAGGCGCCGTGCAAT
>HPV3_Alpha_397005_nt433_E6_VE_rc|1
TTTGTGCAGTCTTCGCTTTTCGTTGCGGTGTCTGTCTCTTCTCTTCCCTTTACCAGTGGTTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt373_E6_VE_rc|1
CTGTATACTTAACGGTTTGTGTCATGCATGGCACCGTATATATAGTTCAGCTAATGACCG
>HPV54_Alpha_9628437_nt253_E6_VE_rc|1
TTCTAGGCACAGTGCACATGCAGCATGTGGAAAGCCGTGTCTCCACACCACAAATAGGTC
>HPV19_Beta_396940_nt291_E6_VE_rc|1
ACAAGGCACTAAACAGTCATCCAACGGTATTTCTAGCAATGCTGCTAATCCAGCAATTGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt223_E6_VE_rc|1
ACCGTACGGCGCCCCACCTCTCCACACCACATTTAATTCTCTAATTGTAAATGCTGCCAG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt152_E6_VE_rc|1
AATCTCTCTCAATAGGCATGCTGCGCATACTCCAAATGGCCAGTCCTTTCGCCGCACCAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt442_E6_VE_rc|1
CCTCCACAAACCCCTTATTAAATAGCACACCTCACCAGTGTATAACAGGTCAAGTTTTTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt328_E6_VE_rc|1
TGCTACACCTGTTTCTTCTTCTACTGTGGGTCCGTAGCTGGAGTACTCCCAGTGACGAAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt493_E6_VE_rc|1
GGCCATGCATGCTCCTCTACAATGGCAGCACTTTCCTCCACTCTCCAGCTATTTTATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt228_E6_VE_rc|1
AGAAAGCCTAGAACAAAGGGACACAACACGCAAAACAAGCACCGCTCCTCCAGACCAAAT
>HPV3_Alpha_397005_nt283_E6_VE_rc|1
TTTTTAGGCGTCGTGCAATGCCCTCTACAAGTAAACACCGTGCACAAGCACCGTAGGGCGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt103_E6_VE_rc|1
ATCAAATTCAGAGCAATAATCAGCCACTGTTGTTGGAAACCTGTCTTCTTCCATCTGCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt499_E6_VE_rc|1
GCGTCTCTCCACGCATTGTCCTCTGCAATGCGTACACCGACCCGTCCACTGACACAATAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt84_E6_VE_rc|1
TGGTAACTTTCTGGGTCGCTCCTGTGGGTCTGAAACATTGCAGTTCTCTTTTGGTGCAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt493_E6_VE_rc|1
TCGTGGCTTTTTTCCATGCATGATTTCCAGCAATGTAGGCAGTATCCTTTCCACACGCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt474_E6_VE_rc|1
TGATGATCTGCAACAAGACATACATCGACCGGTCCACCGACCCCTTATATTATGGAATCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt444_E6_VE_rc|1
GGTCCACCGACCCCTTATATTATGGAATCTTTGCTTTTTGTCCAGATGTCTTTGCTTTTC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt212_E6_VE_rc|1
GTCTTGTTCCACTGTGGATCCGTAGCTGGAGTGTCTCCAGTGTCTGCTAGCTCACGTACCTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt253_E6_VE_rc|1
CACTTTTACTTCACGTGCCAAGCATGGTGCGCATACTCCAAATGGCCAGTTATGTCTCCA
>HPV3_Alpha_397005_nt403_E6_VE_rc|1
TCTGTCTTCTCTTCCCTTTACCAGTGGTTGTGACACATGTAGCATCTAATTTGCTGTGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt403_E6_VE_rc|1
AACAAATGTGGTTGGTTTTTCCACAGGAGACAATGGTTTGTGGCATTTCAGCATCTTAT
>HPV11_Alpha_333026_nt103_E6_VE_rc|1
AAACGTCTTGCAAACTGGTCTATAGATGTTGACAGCTGGAGGCATCTTACTTTCCAT
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt595_E6_VE_rc|1
ACAGTGCCTGCACACTCCCTTTCCAGCCGTCTCTCACTTTGTGGAACGGAAGGCCTCGACC
>HPV106_Alpha_71726710_nt392_E6_VE_rc|1
GCAAGCGCCTCGCCAGTGCCCGCTATTTTATGGAACCGTTTGCTTCTGTTATTAGCCG
>HPV9_Beta_9627396_nt351_E6_VE_rc|1
GCTACTACAGAGTCCATACACCAAATCCTCCTCTGTCCAAATAAGCTGTAAACACTTGTG
>HPV40_Alpha_397014_nt493_E6_VE_rc|1
CGAGCGTTGGCCTTTCTCCATGCATTTCTTCCAGCAATGTAGACAGTACCCTGTCCACGA

>HPV3_Alpha_397005_nt253_E6_VE_rc|1
TAAACACCGTGCACAAGCACCGTAGGGCGTCCCCTTCTCCACACCACATTCAGTTCCCG
>HPV12_Beta_396910_nt231_E6_VE_rc|1
TATATCTAAAAGGTCAGCTAACTCTTTAATAGTTGTGGGCAGCTCAGGCGTACTGTCTGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt272_E6_VE_rc|1
GCACAGTGGTTTATGGCACAGGTAGCATCTAATAAGCAATTCTAAAATAGGCACTCCTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt133_E6_VE_rc|1
GCAAAAATTGCAAGGAACAACCAAATCAATAAATGGGATACGGAGAGCAGAACTCAGATC
>HPV45_Alpha_397022_nt403_E6_VE_rc|1
GTGTCTACGTTTTCTGCTGGGTTCAATGGTTTCTGGCACCGCAGGCACCTTATTAACAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt223_E6_VE_rc|1
GCATACTCCAAATGGCCAGTTATGTCTCCACACAATGCTTAGCTCCTTTAGTGCAAACGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt133_E6_VE_rc|1
GCAGGGCAAACCTATTTCATGCACCGTGGTTTCCAAAGCTTCACACAATTCGTGCAGGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt561_E6_VE_rc|1
TATCTGCTTACACTGCCTACAGAGTCCTTCCAGCCCCCTCTCACTTTATGAAATAATTC
>HPV36_Beta_1020218_nt411_E6_VE_rc|1
ATAAACTGATTAACTCATATGTGGCTGTTGCACCACAACAAACACGACAGCAGGCAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt136_E6_VE_rc|1
TATTTCTATATCTTGCAGTGATGTGTCCAGTGTGTTGCATAGGTCTGGTAGTTTGTAGGG
>HPV58_Alpha_222386_nt111_E6_VE_rc|1
CTCCAACGCCTGACACAAATCATGCAATGTCCGTGGTTTCTCCTCTGCGTCCTGGAACAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt114_E6_VE_rc|1
TATAGTTGTTTGCAGCTCTGTGCATAACTGTGGTAACCTTTCTGGGTCGCTCCTGTGGGTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt196_E6_VE_rc|1
AGCAAAGGCAAATTCATATACCTCTGTTTCGCTGCAGGACGCTTTTACAATATACACAGCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt433_E6_VE_rc|1
CCCTGCTATTTTCATGGAACCGTCGCTTTTCATCCACAATTCTCTGTTTTCTCCGGTCC
>HPV42_Alpha_333211_nt169_E6_VE_rc|1
TAAGTGCTTTTTGCACCAAATGCAGGAAATCTGTAAATTCGCAATGTCAGCCCCAAATTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt493_E6_VE_rc|1
TTGTGTTTCTGTTGCTTCGCGCCTTGGTCTCCAGCAGTTTGTGCACAACCCTTTCCAGTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt173_E6_VE_rc|1
TAATTGTTCTGCAGAATATGCAGGTTAGGTTTCAGGTCCTGCAGGTCCACGTCGTACTGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt493_E6_VE_rc|1
TCGAACACAAGTTCCCCTCCAGATCCCGCCAATTCTATGCACAGACAAGTCTTCCCGCAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt343_E6_VE_rc|1
TATATATAGTTCTGCTAATGATTTGCCTGTTTCCTGTTCCACAGTGGGTCCGTAGCCCGA
>HPV56_Alpha_397053_nt133_E6_VE_rc|1
TCTAAGATCAATTAAAGGTATTTCTAATACCTCACTCAAGTGGTGCAGGCTTCGTGGACG
>HPV18_Alpha_9626069_nt136_E6_VE_rc|1
TATTTCTATGTCTTGCAGTGAAGTGTTTCAGTTCCTGTCACAGATCAGGTAGCTTGTAGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt463_E6_VE_rc|1
CTCATGGCTGATACAATTTCTACAAACACCTCTCCAAGTCCCGCGAATTAACAGAAAATC
>HPV39_Alpha_333245_nt198_E6_VE_rc|1
ACTAAATGCAAATTCATATACCTCGGTTTGCTGTAGTGGTCTGCTGCAATAGACACAGGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt122_E6_VE_rc|1
TACCCCGTCTCTATACACTACACATAGGTCATAAGGCAAATTCATATACCTCTGTCCG
>HPV65_Gamma_312100_nt463_E6_VE_rc|1
TTGTTTCCATAATGCAATTTCTGCAATAGCCCCCTCCACAAACCCCTTATTAAGTAGCAGGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt565_E6_VE_rc|1
TCTCACTTTGTGGAACGGAAGGCCTCGACCACAGCTATCTAATTTTTCAATGGTGCTCAA
>HPV36_Beta_1020218_nt591_E6_VE_rc|1
ACACTGCCTACAGATTCCTTCCAGGCGTTTCTGACTCTATGAAAGGGAAGTCCTCTTCC
>HPV19_Beta_396940_nt261_E6_VE_rc|1

TTCTAGCAATGCTGCTAATCCAGCAATTGTTGCTGGTAATGGTGGCTCTGTGACCTGTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt180_E6_VE_rc|1
GGCAACCGAGAGAGTTGCGAACTTACCGTTAACGGTTCCAAAGTTGGCAGACGTTTTGG
>HPV52_Alpha_397038_nt133_E6_VE_rc|1
ACACTGCAGCCTTATTTTCATGCACCGATTCTTCCAGCACCTCACACAATTCGTGCAGGGT
>HPV59_Alpha_557236_nt56_E6_VE_rc|1
TGTTGTGCTCAAATCAGGCAGTTTGTATGGTCGTTGTGTAGGATCCTCAAAGCGTGCCAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt433_E6_VE_rc|1
GTGAAACCGTTTCTTATAGTCACAGTGTAAGTGTCTTTTCTCTGGTGTCAACGGATGTTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt92_E6_VE_rc|1
AATACACAGCTCCTTCCATGCAAAGGACAGCACTTCTGTGTTGTTAATTCATTTGTGCA
>HPV77_Alpha_2911558_nt373_E6_VE_rc|1
GGTGAGTGGTTTGTGACACATGTAGCATCTGATTGCTGGGTATCTATGGATTCTTTTGT
>HPV15_Beta_396924_nt561_E6_VE_rc|1
TATCGCCCTACAATGTCTACACAATCCTTTCCAATTGCGTCTAACCTTGTGGAATTGCTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt373_E6_VE_rc|1
TGGCTTGTGGCACTTACAGCATCTAATGCACAAATCAAACACTGTTTGCTTAGTTTCTTC
>HPV61_Alpha_9628574_nt343_E6_VE_rc|1
GCACCGTATATAGTTTCAGCTAATGACCGTCCTGTGTCTGTTCCACAGTGGGTCCGTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt272_E6_VE_rc|1
GCACAATGGTTTAAAGCACGCATGGCACCCTATATTTAAGTGTGCCAATGATACGCCTGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt104_E6_VE_rc|1
AAACGTCTTGCACAACCTGGTCTATGGTCGTTGCAGACGTGGAGGCATTTGCACTTTCCAT
>HPV47_Beta_333062_nt509_E6_VE_rc|1
AAGAAATGACAGGCAGGTATGACACCTTATGTCAATCTCAAAAATGGAAAGGCCTGTAGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt463_E6_VE_rc|1
GCACTGTGTACAGCGTCCGGTCCACTGATCCGCTATTTGGTGAAACCGTTTGTTTTCATC
>HPV76_Beta_2911551_nt201_E6_VE_rc|1
AGAAGAAATGGGTATATTTAAGAGTTGGCTAAGCTCACATACCTTAGCAGGTCTAGCCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt255_E6_VE_rc|1
CTCCAATAGGCTAACAGTTCTAGCACACCTTGACAGCATCCAAACACCAAATTGTCTCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt272_E6_VE_rc|1
TATTGGTATCCCTGTTTCATACTCCACTGTGGGTGCATAGCTGGAGTAGTCCCAGTATCT
>HPV5_Beta_9627145_nt591_E6_VE_rc|1
ACACTGCCTACAGATTCCCTTCCAGGCGTTCCTCACCTTATGAAAGGGAAGGCCTCTGCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt204_E6_VE_rc|1
TACTATGCATAAATCCCGAAAAGCAAAGTCATATACCTCACGTGCGAGTAACTGTTGCTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt106_E6_VE_rc|1
TTCCGTGCACAGATCAGGTAGCTTGTAGGGTCGCCGTGTTGGATCCTCAAAGCGCGCCAT
>HPV93_Beta_37089393_nt106_E6_VE_rc|1
CTCTGTAATGGTCTGAGGTTTACTTACTGCCGCCATTAAGATGTCTGCCTTATATACCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt438_E6_VE_rc|1
ACAACAATTTCTGCACGTTCCCCTCCAAGTGTTCCTCACAAGATGGAAACACTCACCCCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt458_E6_VE_rc|1
CCAACAATTTGTACACAACCCTTTCCACTGCCCTGCTATTTCTGTGAAATCGTCGCTTTTC
>HPV38_Beta_1020234_nt231_E6_VE_rc|1
GCAGAATCTACAGGGTAATAACAGATCCTCTACAGGAAGTGTAACTTATCACTGAGCTG
>HPV21_Beta_1020170_nt291_E6_VE_rc|1
ATCATCCAATGGTATCTCTAACAGATTGGCTAGGTCACGAATTGTAGCTGGTAATGGTGG
>HPV65_Gamma_312100_nt433_E6_VE_rc|1
CCTCCACAAACCCCTTATTAAGTAGCAGGCTGGTGCAGGTACAGCAAGTCTAATTTCTC
>HPV10_Alpha_9627257_nt253_E6_VE_rc|1
GCCCTGTAGGAGTAAACACCGTGCACAGGCACCGTATGGCACTCCCGCTCTCCACACCAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt373_E6_VE_rc|1
GCTTAGGGGTTTGCAGCATGCATGGCACCTTATATATAGTTCTGCTAATGATTTGCCTGT

>HPV52_Alpha_397038_nt463_E6_VE_rc|1
CCAACACTCTGAACAGCGCCCTGTCCAACGACCCATAATATTATGAAATCGCTTGTTTGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt103_E6_VE_rc|1
CACTTCGTCACATAACGCTTGTAGCTTGTATGGTCGTTCTTCTGAATTGGGAAACAGCAT
>HPV39_Alpha_333245_nt468_E6_VE_rc|1
CCGTCGACACTGTCCTGTATAGCTTCCTGCTATTTTATGAAATCTTCGTTTGCTATTTAG
>HPV25_Beta_396948_nt411_E6_VE_rc|1
AAATTCAAATGTGGCAGTTGCTGTGCAACAACAGCGACAGCAGGCATACACAAGATATTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt92_E6_VE_rc|1
ACTAAAGGCAAATTCATATACCTCTGTCCGTTGTAGTTGCCTTCTGCAATAGACACAGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt343_E6_VE_rc|1
TTGTTCTTCCAACAGTAGTCCTGTTTCTTGTCTACTGTATGCCAAAATGCTGATCTGTC
>HPV12_Beta_396910_nt531_E6_VE_rc|1
CCGACCACAGCTGTCTAACTTTTCAATTGTATCTAAAAATGACAAGCACGTCTGACACCT
>HPV14D_Beta_396918_nt207_E6_VE_rc|1
TATCACAATAGTTACTCTTAGGAGAAGGACCTTCATCTGCACTGTCTGTTGAAGAGTCAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt208_E6_VE_rc|1
TCTCCACACCAGCAATAATTCCCTTAATGCAAACGCCAGCAATTTCGCTTCTGTTAATTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt258_E6_VE_rc|1
GCGGTAAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGCAAAGCCTAGAACAAGGGACACAACACGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt302_E6_VE_rc|1
GTGCCTTAGTTTTCTGCTGGACACAATGGTTTCAGGCAACTCATGCACCTTATCAATAA
>HPV110_Beta_186461194_nt323_E6_VE_rc|1
TTGCGCTGTAGCATGAGCACAACCTACTACAGCATGCAAAAACAAAATCTTCCTCAGTCCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt212_E6_VE_rc|1
GGTTTCTTCTTCAACCGTTGCGCCGTAGCTGGAGTAGTTCCAGTGCCGTAGTTCCCGCAC
>HPV12_Beta_396910_nt591_E6_VE_rc|1
ATGCTTGCACTGTCTGCAAATTCCTTCCACCTGTCTCTAACCTTGTGGAACGGAAGGCC
>HPV82_Alpha_6970427_nt403_E6_VE_rc|1
GTCCACCACCTTTTGCCTTTTCTTTCAGGCCCAAGTGGTCTCTGACATCTATGACACCTTAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt463_E6_VE_rc|1
TGACCAACAATACAGGCAACTCCCTCTCCAGTATCCAGAAATTTTGTGTAGTCTTCGCTT
>HPV8_Beta_333074_nt272_E6_VE_rc|1
AAAGTTACCACAAAAGTTGCACGGTACTGAACAGTCCTGCAATGGAATACCTAAAGCCGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt493_E6_VE_rc|1
CGAGCGTTGGCCTTTCTCCATGCATTTCTTCCAACAGTGCAGACAGTACCCTGTCCACGA
>HPV37_Beta_1020226_nt531_E6_VE_rc|1
CCAATTGCGCCTAACCTTGTGAAATTGTTGCTGAGTATAGCAAGTCTCCAACCTTCTCTAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt2_E6_VE_rc|1
GCAGTCCTTGACAACTGGTCTATACTTTTTGCAGACGTGGAGGCATTTGCACTTTCCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt437_E6_VE_rc|1
TGCCTTCCAAGCTCCTCTAACTCTATCAAAAGGAATGCCTGATGCACAACTGCCAATTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt403_E6_VE_rc|1
TACATGCCTTTGCTTTTCCAATGGACACAGTGGTTTTTGGCATTTTCCGCACCTTATTAA
>HPV56_Alpha_397053_nt433_E6_VE_rc|1
TAGATGAAATCGTCTTTTCTGTACAAATGCAATTGCTTTTCTCCGGAGTTAACGGACT
>HPV39_Alpha_333245_nt138_E6_VE_rc|1
TATTGTAATGTCTGCAAGGTGGTGTCCAGCGTTGTGCACAGGTCTGGCAATTTGTATGG
>HPV49_Beta_9627363_nt201_E6_VE_rc|1
TTCCCAAATAGGTATATTTAAGTGGTGGGCTAGCTCACATACCTTAACAGGTCTAGCCAT
>HPV25_Beta_396948_nt291_E6_VE_rc|1
GTTGCCACAGAAGTTGCAAGGTACTAAGCAATCATCTAATGGAATTTCCAATAAAGCTGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt166_E6_VE_rc|1
CTGCAGGACGCTTTTACAATATACACAGCTTATTTCTATATCTTGCAGTGATGTGTCCAG
>HPV22_Beta_1020178_nt450_E6_VE_rc|1

TTGGCCTACAGGTCGTTGTTCTTCTTGCTCAATTTACGACCATACAAAGTAACTTGATA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt478_E6_VE_rc|1
GGCCATGCATATTGCCCTACAGTTGCTGCACTTTCTGTCCACTTCCCAGCTATTTTGTG
>HPV58_Alpha_222386_nt471_E6_VE_rc|1
CCAACACACTGCACAGCGCCCTGTCCAACGACCCGAAATATTATGAAACCTTTTGTTTAA
>HPV65_Gamma_312100_nt253_E6_VE_rc|1
AAATCTTGCACTTAAACGTAAGCATTCAGAACAGCATGCATAGTAGCAACCCCCCTGAA
>HPV42_Alpha_333211_nt109_E6_VE_rc|1
CTTACACAATTGGTATAATGTGCGTGGCTGTGATGAGGCAGATGTACCTGACATTCTGCC
>HPV63_Mu_9626605_nt103_E6_VE_rc|1
AAATGGGATACGGAGAGCAGAACTCAGATCCCGAACCGAATGTACAGATGTCAGGTCCAT
>HPV56_Alpha_397053_nt463_E6_VE_rc|1
CAAACATGACCCGGTCCAACCATGTGCTATTAGATGAAATCGTCTTTTTCTGTCACAATG
>HPV36_Beta_1020218_nt381_E6_VE_rc|1
TGCACCACAACAAACACGACAGCAGGCAAATACACAGTAATCCTTCCAAATTAACTAAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt503_E6_VE_rc|1
CATTGTTGGCCTCGCATGGTTTCCAACACTGTAGGCAAGCACCGCGCCAATGGCCTGCTA
>HPV80_Beta_2911565_nt561_E6_VE_rc|1
TATCGACCCACAATGTCTACACAATCCTTCCAATTGCGCCTTACCTTATGGAATTGCTG
>HPV9_Beta_9627396_nt381_E6_VE_rc|1
AAATTCTAACTGTGCAGACGCATAAGCACAGCTACTACAGAGTCCATACACCAAATCCTC
>HPV81_Alpha_40804509_nt283_E6_VE_rc|1
CTCCCGTACTTTAGCTTCTCTGCACAAGCACGCTGCGCATACTCCAAATGGCCAGTTCTT
>HPV81_Alpha_40804509_nt163_E6_VE_rc|1
CTTTTTTGCAAAATATGCAGGTCAGTTGCAGGTCGTCTAGGTCCACTTCACACTCCTTACA
>HPV8_Beta_333074_nt542_E6_VE_rc|1
ATGAAAGGGACGGCCTCTCCACAGCAATCTAATTTCTCTATGATATCCAAAAATGACAA
>HPV76_Beta_2911551_nt531_E6_VE_rc|1
CACCCCTTTCACCTATTTCTAACTTTGTGAACTCTCTTTGCTGTGCACAATGATCAAG
>HPV59_Alpha_557236_nt326_E6_VE_rc|1
TTTTAGGCATCTATAACAGCGTATCAGCAGCTCATGTAACGGTGTCTTGGTTTCAGCCTC
>HPV39_Alpha_333245_nt108_E6_VE_rc|1
CGTTGTGCACAGGTCTGGCAATTTGTATGGCCGTTCTGCAGGATTGTGAAATCGCGCCAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt193_E6_VE_rc|1
TGCAAAATTATATACCTCTGACGCTGTCAATGCCTTCTTGCAGAACACACAGCCAAGTTG
>HPV59_Alpha_557236_nt296_E6_VE_rc|1
CTCATGTAACGGTGTCTTGGTTTCAGCCTCTAATGTTTCTCCATACACGGAATCTCTATA
>HPV84_Alpha_12958167_nt92_E6_VE_rc|1
TAGTAATTCCTTTACTGCAAAGGCCAGCACTTCGCCTTCCGTTAATTCCTTGCAAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt362_E6_VE_rc|1
CGAATTGCACTGGCCTCTATAATAACCAGATATGTGGTGGAATCGTCGTTTGTCTTTAAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt272_E6_VE_rc|1
ACTACACAACGGCTTCAGGCACATATAGCATCTCATATACAGCTGTGGTAATGCTGTGCG
>HPV10_Alpha_9627257_nt373_E6_VE_rc|1
TACCAGCGGTTTGTGACACATGTAGCATCTGATCAGCTGTGTATATATAGATTGTTTGGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt488_E6_VE_rc|1
CACTTGTGTTTCTGTTTGGCGCCTTGGTCTCCAACAATTTGTACACAACCTTTCCACTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt32_E6_VE_rc|1
TATCTCTATTTCAAGTAATGAAGTATTCAATTCGTGTGCACAGGTCTGGCAACTTGTAGGG
>HPV107_Beta_126131393_nt320_E6_VE_rc|1
GCAAAATTTGCAAGGTACCAGTAAGTCTTCCACTGGTATATTAAGATGCTGTGTAAGCTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt98_E6_VE_rc|1
ATTCAAGCTTTCACATAGCTCATGTAGCGTTCTGGGTCGTTCTCTAGGATCCTCGAACAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt392_E6_VE_rc|1
AAGCCTTTCTTGCCGTGATTGGTTGTAACACGAATTGCACTGGCCTCTATAATAACCAGA

>HPV67_Alpha_3228267_nt463_E6_VE_rc|1
CCAACACACTGAACACCGTCCTGTCCAACGATTGGAAATATTATGAAATCGCTTTTTTGC
>HPV23_Beta_1020186_nt471_E6_VE_rc|1
TATAGGTCGTTGCTCCTCCTGCTCAATTTACGACCATACACAGTTAGCTGATAAAATTG
>HPV5_Beta_9627145_nt561_E6_VE_rc|1
CCTCACCTTATGAAAGGAAGGCCTCTGCCACAGCAATCTAACTTTTCTATAATGTCAAG
>HPV92_Beta_27531786_nt257_E6_VE_rc|1
TGTTTTCTATTGCTGCTACTTGTTTTAGCACAAAGCACCACAGCAAGCATAAGCATAATTCTC
>HPV83_Alpha_5059324_nt212_E6_VE_rc|1
TGTTTTCTTCTTCTACTGTTGCCCGTAGCTTGAGTGGCTCCAGTGCCGTAGCTCTCGCAC
>HPV12_Beta_396910_nt561_E6_VE_rc|1
CCTGTCTCTAACCTTGTGGAACGGAAGGCCCGACCACAGCTGTCTAACTTTTCAATTGT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt362_E6_VE_rc|1
TGCTCTACAGTTGCTGCACTTTCCCGTCCACTGGCCTGCTATTTTATGAAAATGCAGATT
>HPV15_Beta_396924_nt351_E6_VE_rc|1
CTGCGCTGTAGCAAATGCACAACACTAGAACAACAGGCAAAAACAAAATCTTCCTCAGTCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt133_E6_VE_rc|1
GCAGATTTGTAAATTCCGCAGGGTCAGCCCCAAAATCTTGCACAATTGGTATAATGTACT
>HPV30_Alpha_396973_nt433_E6_VE_rc|1
TCTGTGAAACCGTTTCTTATATTCACAGTGTAACGTTTTTTCTCTGGTGTCAACGGCTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt133_E6_VE_rc|1
CACACACAGTAGGCGAAGGTCGTCGAACGGTATTCCACTGTCTCTGCACAACAGGAATAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt463_E6_VE_rc|1
GCACCGTGACAGCGTCCGGTCCACTGTTCTGCTATTTGATGAAACCGTTTTTTTTTCATC
>HPV94_Alpha_40804528_nt424_E6_VE_rc|1
GTACCCTGATATTTTGTGCAGTCGTCGCCGTTTCGTTACGATGTCTGTCTCTTCTTCCTT
>HPV45_Alpha_397022_nt433_E6_VE_rc|1
TATGCTGTGAAATCTTCGTTTGTCTTAAAGGTGTCTACGTTTTTCTGCTGGGTTCATGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt2_E6_VE_rc|1
TTCTGTGCACAGGTCTGGCAACTTGTAGGGCCGTTTGCTTGATCTTCAAATCGCGCCAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt272_E6_VE_rc|1
GCTGCCTAACGGCTTACAGCATATATAGCATCTCATATACAGCTGGGCCAACGGTGTGTT
>HPV8_Beta_333074_nt572_E6_VE_rc|1
GCAAACCTCCTTCCAGCCTCCTCTAACTTTATGAAAGGGACGGCCTCTCCCACAGCAATC
>HPV61_Alpha_9628574_nt463_E6_VE_rc|1
GCATGGCCCTCTACACTGGCAACACCTTCCCGTCCACTGTCCAGCTATATAGTGGAAGTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt473_E6_VE_rc|1
GTAGGCAAGCACCGCGCCAATGGCCTGCTATTTTATGAAATCGCCTGCCTTCTGTAATTA
>HPV2_Alpha_9626032_nt390_E6_VE_rc|1
CTTCTCTCTCCAGCTCAGGGGCTTATGGCAAATATAGCATCTCATAAACAGCTGAGGTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt650_E6_VE_rc|1
TTCTATCGCCTCACAAATGTCTACACAATCCCTTCCAATTACCTCTCACCTTAAAAAACTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt463_E6_VE_rc|1
CCCTCTACACTGGCAGCACCTTCCCGTCCACAGTCCGCTTATCTTGTGGAAGTGGATTCC
>HPV69_Alpha_6970418_nt463_E6_VE_rc|1
CCAGCAGTTTGTGCACAACCTTTCCAGTACCCTGCTATTTTCATGGAACCGTCGCTTTTC
>HPV17_Beta_396932_nt561_E6_VE_rc|1
TATCGACCCACAATGTCTGCACAAGCCTTTCCAATTGCGTCTAACCTTATGAAACTGCTG
>HPV38_Beta_1020234_nt351_E6_VE_rc|1
TTGAGCAGAAGCATAAGCACAACTGCTACAACATGCAAAAACAAAATCCTCTTGAGTCCA
>HPV59_Alpha_557236_nt476_E6_VE_rc|1
CACCAGTGTTTCTACTACGCGCTTGTCGTTGCTGTCTTAGGTGTCTTGCTCGGGTCCGACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt2_E6_VE_rc|1
TGTCCTGCACAGGTCTGGCAATTTGTATGGCCGTTCTCAGGGTTGTGAAATAGCGCCAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt388_E6_VE_rc|1

CTTCTCGGGCCAGCACAAATGGTTTGCAGCATGCATGGCACCTTATATTTTGAAGTGCCAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt253_E6_VE_rc|1
AGTTGCTCTTGCAAGGCATGGTGCAGACTCCAAATGGCCAGTTGTCCCGCCACACAAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt2_E6_VE_rc|1
CACCTCGTATTCCCTGGCACAGCACAAAAATATTGGTGGGGTGGTAGCGTCCGTTGGGCAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt362_E6_VE_rc|1
TCCTCTACAATTGCGGTACCGTCTGTCCACACTCCTGCTATTTTGTGGAAGTGCACTCC
>HPV8_Beta_333074_nt846_E7_AOS|1
TACGTCTTTTTGTCAACGCAACTGATTTCGGGTATCAGGACCTTTCAAGAATTGCTGTTCA
>HPV51_Alpha_333087_nt756_E7_AOS|1
CAAGTGTAGTACAACCTGGCAGTGGAAAGCAGTGGAGACACCCTTCGCGTTGTACAGCAGA
>HPV51_Alpha_333087_nt716_E7_AOS|1
GCTACGTGTTACAGAATTGAAGCTCCGTGTTGCAGGTGTTCAAGTGAGTACAACCTGGCA
>HPV20_Beta_1020162_nt893_E7_AOS|1
TCTTTATAAGCGCTACAGAATTTGCTATTAGAAGCTTTCAACAATTGCTGATTGACGAGC
>HPV20_Beta_1020162_nt881_E7_AOS|1
TGAAACTTCGCATCTTTATAAGCGCTACAGAATTTGCTATTAGAAGCTTTCAACAATTGC
>HPV22_Beta_1020178_nt847_E7_AOS|1
ACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTACTTGGACCTGTAAACTTTTTGTGT
>HPV22_Beta_1020178_nt841_E7_AOS|2
CTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTACTTGGACCTGTAAACTT
>HPV22_Beta_1020178_nt835_E7_AOS|1
TATATACTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTACTTGGACCTGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt829_E7_AOS|2
AAGCTGTATATACTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTACTTGGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt823_E7_AOS|1
AAGCTGAAGCTGTATATACTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt817_E7_AOS|1
GATACAAAGCTGAAGCTGTATATACTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACA
>HPV22_Beta_1020178_nt811_E7_AOS|1
GGTTGTGATACAAAGCTGAAGCTGTATATACTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTT
>HPV22_Beta_1020178_nt800_E7_AOS|1
TATATTGTGGGGTTGTGATACAAAGCTGAAGCTGTATATACTAGCAACTCTCTCTGGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt794_E7_AOS|1
TTGTAGTATATTGTGGGGTTGTGATACAAAGCTGAAGCTGTATATACTAGCAACTCTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt877_E7_AOS|1
ATTCGCTCGTTCCAAGCATCTTTGCTAGAAAACGTGAAGCTGGTGTGTCTGCCTGTCTGA
>HPV23_Beta_1020186_nt867_E7_AOS|1
AGATTTTGGGAATTCGCTCGTTCCAAGCATCTTTGCTAGAAAACGTGAAGCTGGTGTGTCC
>HPV23_Beta_1020186_nt857_E7_AOS|1
TGCTAGCCACAGATTTTGGGAATTCGCTCGTTCCAAGCATCTTTGCTAGAAAACGTGAAGC
>HPV23_Beta_1020186_nt847_E7_AOS|1
AAGCTTTACGTGCTAGCCACAGATTTTGGGAATTCGCTCGTTCCAAGCATCTTTGCTAGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt837_E7_AOS|1
GACACAGTTAAAGCTTTACGTGCTAGCCACAGATTTTGGGAATTCGCTCGTTCCAAGCATC
>HPV23_Beta_1020186_nt827_E7_AOS|1
GAGGCTGTGAGACACAGTTAAAGCTTTACGTGCTAGCCACAGATTTTGGGAATTCGCTCGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt573_E7_AOS|1
ACGTCCCAGTGCAATGCAATGTGCAATTAGATGAAGAAGATTATACAAATGTGGAGGAAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt715_E7_AOS|1
AGATATAAGGCATTGGAGCAGCTCCTGTTGGGCACACTGACGGTCGTGTGCCCTCGCTG
>HPV36_Beta_1020218_nt861_E7_AOS|1
TTTGTCCAAGCTACAGAATTTGGCATCAGAGCATTTCAACAGTTGCTGACCGGTGACCTG
>HPV36_Beta_1020218_nt853_E7_AOS|1
TCCGCGTTTTTGTCCAAGCTACAGAATTTGGCATCAGAGCATTTCAACAGTTGCTGACCG

>HPV36_Beta_1020218_nt847_E7_AOS|1
TCAAGCTCCGCGTTTTTGTCCAAGCTACAGAATTTGGCATCAGAGCATTTCAACAGTTGC
>HPV37_Beta_1020226_nt803_E7_AOS|1
TAGTTGTTGCAACGCCTATTGGAATTAGATCACAAGAAGAGCTATTACTTGGTGAAGTGC
>HPV37_Beta_1020226_nt812_E7_AOS|1
CAACGCCTATTGGAATTAGATCACAAGAAGAGCTATTACTTGGTGAAGTGCAGCTGGTTT
>HPV37_Beta_1020226_nt794_E7_AOS|1
TACGACTGATAGTTGTTGCAACGCCTATTGGAATTAGATCACAAGAAGAGCTATTACTTG
>HPV37_Beta_1020226_nt785_E7_AOS|1
GTTCTAAACTACGACTGATAGTTGTTGCAACGCCTATTGGAATTAGATCACAAGAAGAGC
>HPV38_Beta_1020234_nt752_E7_AOS|1
CAGCATACACCCCATACAAAATCATAGTTCTTTGTGGGGGTTGTGAAGTAAGGCTAAAAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt592_E7_AOS|1
GTTGCAAGAGGTTATATTAGAACTTGCACCGCAAACGGAAATTGACCTACAATGCAATGA
>HPV66_Alpha_1020290_nt585_E7_AOS|1
TACCAACGTTGCAAGAGGTTATATTAGAACTTGCACCGCAAACGGAAATTGACCTACAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt171_E7_AOS|1
GTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGCATTAGAAACTTTGAACAACAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt165_E7_AOS|1
TGAGAAGTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGGCATTAGAACTTTGAACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt159_E7_AOS|1
GTATTGTGAGAAGTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGGCATTAGAACTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt153_E7_AOS|1
TTGCAAGTATTGTGAGAAGTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGGCATTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt147_E7_AOS|1
GACAGATTGCAAGTATTGTGAGAAGTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt151_E7_AOS|2
TGTGGGCAGTGTCACAAAACCTTAGCATTACATGTACTAGCTACGGACGGGGCAATAAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt162_E7_AOS|1
TCACAAAACCTTAGCATTACATGTACTAGCTACGGACGGGGCAATAAGGCTCTGTGGAACA
>HPV70_Alpha_1173493_nt804_E7_AOS|1
TAATACTACACTGCACTTAGTAGTAGAAGCCTCACAAGAGAACCTGCGATCTCTACTGCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt739_E7_AOS|1
CTTGTGGTGGAAGCGACGAAGCAGACATAAGAGCGCTTCAACAGCTGTTACTGGGCACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt729_E7_AOS|1
TGCAGTTAGGCTTGTGGTGGAAAGCGACGAAGCAGACATAAGAGCGCTTCAACAGCTGTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt437_E7_AOS|1
GCCAACGTTAAAGGATATTATTTTAACAGATATACCAGATGTAGTTAGTTTATACTGTGA
>HPV84_Alpha_12958167_nt427_E7_AOS|1
GCGGCCAGACGCCAACGTTAAAGGATATTATTTTAACAGATATACCAGATGTAGTTAGTT
>HPV107_Beta_126131393_nt885_E7_AOS|1
TGTCCAGTGAAACTTCGTCTCTACGTTTTTGCACCCATTTTGGCATTCGGGCATTGCAG
>HPV107_Beta_126131393_nt879_E7_AOS|1
TCTGGGTGTCCAGTGAAACTTCGTCTCTACGTTTTTGCACCCATTTTGGCATTCGGGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt873_E7_AOS|1
CCTTGTCTGCGGTGTCCAGTGAAACTTCGTCTCTACGTTTTTGCACCCATTTTGGCATT
>HPV107_Beta_126131393_nt867_E7_AOS|1
GTAGTACCTTGTCTGCGGTGTCCAGTGAAACTTCGTCTCTACGTTTTTGCACCCATTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt861_E7_AOS|2
AAAATTGTAGTACCTTGTCTGCGGTGTCCAGTGAAACTTCGTCTCTACGTTTTTGCACCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt623_E7_AOS|1
TCAGAGTCAGAGGATGAGAGGGACGGTGTGGTGTGCAGGAGCAACTTGTAGAACAAGCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt617_E7_AOS|1
TCAGAGTCAGAGTCAGAGGATGAGAGGGACGGTGTGGTGTGCAGGAGCAACTTGTAGAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt607_E7_AOS|1

ACTAGACAGCTCAGAGTCAGAGTCAGAGGATGAGAGGGACGGTGTGGTGTGCAGGAGCA
>HPV73_Alpha_1491692_nt719_E7_AOS|1
GCACGAAGTGTCACTGCACAGTATGCCTTGCCATTGAAAGCAACAAAGCTGATTTAAGAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt736_E7_AOS|1
ACAGTATGCCTTGCCATTGAAAGCAACAAAGCTGATTTAAGAGTGATAGAAGAGTTGCTT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt431_E7_AOS|1
CCAGACGCCGACCATAAAAGATATAGTGTTATGTGAAATACCAGATGTAGTTAACCTACA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt441_E7_AOS|1
ACCATAAAAGATATAGTGTTATGTGAAATACCAGATGTAGTTAACCTACATTGTGACGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt644_E7_AOS|1
ATACCAGTTGCGCCTTCTGTGAAGCAGGTGTAAGGGTATTTGTTCTAGCTTCACCAGCCG
>HPV110_Beta_186461194_nt742_E7_AOS|1
CTTGTGGCCTTTGTGGTGC GCGACTTCGGCTTTTTGTGCTTGCAACAGTTTTTGG AATTC
>HPV110_Beta_186461194_nt733_E7_AOS|1
TTGTTGCTGCTTGTGGCCTTTGTGGTGC GCGACTTCGGCTTTTTGTGCTTGCAACAGTTT
>HPV110_Beta_186461194_nt724_E7_AOS|1
CTTACAAGATTGTTGCTGCTTGTGGCCTTTGTGGTGC GCGACTTCGGCTTTTTGTGCTTG
>HPV111_Beta_186461202_nt760_E7_AOS|1
TGCTACGGAACCTTGAATAAGAGCCCAACAAGA ACTATTACTGGGTGAAGTACAGCTTGT
>HPV111_Beta_186461202_nt752_E7_AOS|1
TACGTCTTTGCTACGGAACCTTGAATAAGAGCCCAACAAGA ACTATTACTGGGTGAAGTA
>HPV111_Beta_186461202_nt744_E7_AOS|1
TTCGCTTATACGTCTTTGCTACGGAACCTTGAATAAGAGCCCAACAAGA ACTATTACTGG
>HPV111_Beta_186461202_nt736_E7_AOS|1
TACAAGACTTCGCTTATACGTCTTTGCTACGGAACCTTGAATAAGAGCCCAACAAGA ACT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt765_E7_AOS|2
TTCGACTATTTGTGATTGCTACCTTCTTTGGAATCCGCACACAGCAAGA ACTTTTAATTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt758_E7_AOS|1
GCTCGCCTTCGACTATTTGTGATTGCTACCTTCTTTGGAATCCGCACACAGCAAGA ACTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt751_E7_AOS|1
TTGTGGCGCTCGCCTTCGACTATTTGTGATTGCTACCTTCTTTGGAATCCGCACACAGCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt744_E7_AOS|1
GTGGTGGTTGTGGCGCTCGCCTTCGACTATTTGTGATTGCTACCTTCTTTGGAATCCGCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt737_E7_AOS|1
GCTCCTTGTGGTGGTTGTGGCGCTCGCCTTCGACTATTTGTGATTGCTACCTTCTTTGGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt730_E7_AOS|1
GATAGTTGCTCCTTGTGGTGGTTGTGGCGCTCGCCTTCGACTATTTGTGATTGCTACCTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt746_E7_AOS|1
GGACCTACAAGTTTACAAAGTTGTAACCGAGTGCACCTCTTGTTATTGTTCAATTCGTCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt604_E7_AOS|1
GTGTGTGCTATCGTGCAGTTAGGTTAGTAGTATTGTCTGACGACGCACATCTAAGACATC
>HPV90_Alpha_22138122_nt439_E7_AOS|1
CAACCTTAAAGGACATATTTCTAGAGCTGGATCAGCCTGATGCGGTTGACCTACATTGTA
>HPV58_Alpha_222386_nt783_E7_AOS|1
CAACAGTACAACAACCGACGTACGAACCCTACAGCAGCTGCTTATGGGCACATGTACCAT
>HPV58_Alpha_222386_nt768_E7_AOS|1
GGTTCGTTTGTGTATCAACAGTACAACAACCGACGTACGAACCCTACAGCAGCTGCTTAT
>HPV58_Alpha_222386_nt744_E7_AOS|1
TTGTTGTTACACTTGTGGCACCACGGTTCGTTTGTGTATCAACAGTACAACAACCGACGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt631_E7_AOS|1
GTACAGGACCAGACATCAACAATCTACATACGCTTCTACTGGGTACACTGAGCCTAGTGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt646_E7_AOS|1
TCAACAATCTACATACGCTTCTACTGGGTACACTGAGCCTAGTGTGTCTCTGTGCGCGC
>HPV74_Alpha_27462483_nt559_E7_AOS|1
AACATACACAGCCTTACCAAATAGTAACCTGCTGTTGTGTGTGTAATCGCAGCCTTCGGC

>HPV92_Beta_27531786_nt662_E7_AOS|1
TTCCTCGTGTGGTGGCTGCGGAATTAAGCTTCGAATTTTTGCATCGTGTACCCAATTTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt654_E7_AOS|1
AAGATAGTTTCCTCGTGTGGTGGCTGCGGAATTAAGCTTCGAATTTTTGCATCGTGTACC
>HPV75_Beta_2911544_nt847_E7_AOS|1
ACTTTGCTGTTGGAGGAGCTGCAATTCCTGTGTCTGAGTGTCTGGAAGAAATTCGACAT
>HPV75_Beta_2911544_nt839_E7_AOS|1
AATTTCAAACCTTTGCTGTTGGAGGAGCTGCAATTCCTGTGTCTGAGTGTCTGGAAGAAA
>HPV75_Beta_2911544_nt830_E7_AOS|1
CTATTCGAGAATTTCAAACCTTTGCTGTTGGAGGAGCTGCAATTCCTGTGTCTGAGTGTCT
>HPV75_Beta_2911544_nt815_E7_AOS|1
TTGCTACTGATCGGGCTATTCGAGAATTTCAAACCTTTGCTGTTGGAGGAGCTGCAATTCC
>HPV75_Beta_2911544_nt808_E7_AOS|1
TTTGTGCTTGCTACTGATCGGGCTATTCGAGAATTTCAAACCTTTGCTGTTGGAGGAGCTG
>HPV76_Beta_2911551_nt846_E7_AOS|1
ATCTTTACTGCTAGAGGAGTTGCAATTCCTGTGTCCGGAGTGTCTGGAAGAGATTCGCAA
>HPV80_Beta_2911565_nt797_E7_AOS|1
TAATAGTGGTTGCAACTTCTTTTGGGAATTCGCGCACAGAAGAGTTACTATTTGGAGAAG
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt862_E7_AOS|1
CGTGTCTTTGTCAACGCAACTGAACCTTGCTATTAGAACCCTGCAGGAACCTACTGACCAGC
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt882_E7_AOS|1
TGAACCTGGTATTAGAACCCTGCAGGAACCTACTGACCAGCGATCTGCAGCTGCTGTGTCC
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt875_E7_AOS|1
ACGCAACTGAACTTGGTATTAGAACCCTGCAGGAACCTACTGACCAGCGATCTGCAGCTGC
>HPV65_Gamma_312100_nt702_E7_AOS|1
GGATTACTCTGTTTGTCTGTGGAATTTGGACTTCGAGCGTTGGAACAACCTCATAGTGGACG
>HPV65_Gamma_312100_nt684_E7_AOS|1
GATGTGAAGTTAATGTAAGGATTACTCTGTTTGTCTGTGGAATTTGGACTTCGAGCGTTGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt720_E7_AOS|1
ATTACCATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCTTTGCGTTTGTGCATTACACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt725_E7_AOS|1
CATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCTTTGCGTTTGTGCATTACAGTACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt715_E7_AOS|1
AACCAATTACCATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCTTTGCGTTTGTGCAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt710_E7_AOS|1
GATACAACCAATTACCATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCTTTGCGTTTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt705_E7_AOS|1
AACCAGATACAACCAATTACCATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCTTTGC
>HPV11_Alpha_333026_nt739_E7_AOS|1
GTGCACAGACGGAGACATCAGACAACCTACAAGACCTTTTGCTGGGCACACTAAATATTGT
>HPV11_Alpha_333026_nt728_E7_AOS|1
CTGGTTGTGGAGTGCACAGACGGAGACATCAGACAACCTACAAGACCTTTTGCTGGGCACA
>HPV31_Alpha_333048_nt696_E7_AOS|1
AACCGGACACATCCAATTACAATATCGTTACCTTTTGTGTCAGTGTAAGTCTACACTTC
>HPV31_Alpha_333048_nt743_E7_AOS|1
AAGTCTACACTTCGTTTGTGTGTACAGAGCACACAAGTAGATATTCGCATATTGCAAGAG
>HPV31_Alpha_333048_nt733_E7_AOS|1
TTGTCTAGTGAAGTCTACACTTCGTTTGTGTGTACAGAGCACACAAGTAGATATTCGCAT
>HPV31_Alpha_333048_nt720_E7_AOS|1
TCGTTACCTTTTGTGTCAGTGTAAGTCTACACTTCGTTTGTGTGTACAGAGCACACAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt709_E7_AOS|1
CAATTACAATATCGTTACCTTTTGTGTCAGTGTAAGTCTACACTTCGTTTGTGTGTACA
>HPV33_Alpha_333049_nt763_E7_AOS|1
CAGTTCGTTTATGTGTCAACAGTACAGCAAGTGACCTACGAACCATACAGCAACTACTTA
>HPV33_Alpha_333049_nt746_E7_AOS|1

TCACACTTGTAACACCACAGTTCGTTTATGTGTCAACAGTACAGCAAGTGACCTACGAAC
>HPV33_Alpha_333049_nt736_E7_AOS|1
TAACCTGTTGTCACTTGTAACACCACAGTTCGTTTATGTGTCAACAGTACAGCAAGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt757_E7_AOS|1
CTACGTCTGTGTGTACAGAGCACACACATTGACATACGTAAATTGGAAGATTTATTAATG
>HPV35_Alpha_333050_nt752_E7_AOS|1
CGACACTACGTCTGTGTGTACAGAGCACACACATTGACATACGTAAATTGGAAGATTTAT
>HPV47_Beta_333062_nt874_E7_AOS|1
GAACGCAACAAACCGTGGCATCAGGACATTTTCAGGAACTTTTGACTGGTGATCTGCAGCT
>HPV47_Beta_333062_nt867_E7_AOS|1
TTTTTGTGAACGCAACAAACCGTGGCATCAGGACATTTTCAGGAACTTTTGACTGGTGATC
>HPV42_Alpha_333211_nt491_E7_AOS|1
TCAATTTATATTGTGTCTAGTGGACGGGTCGGTGTACGCATTGCAGAGGACAATGCGTGGA
>HPV42_Alpha_333211_nt481_E7_AOS|1
GTACAAGATTTCAATTTATATTGTGTCTAGTGGACGGGTCGGTGTACGCATTGCAGAGGAC
>HPV39_Alpha_333245_nt804_E7_AOS|1
TAACAACACACTGCAGCTGGTAGTAGAAGCCTCACGGGATACTCTGCGACAACCTACAGCA
>HPV93_Beta_37089393_nt684_E7_AOS|1
AGATTATTGTGTTCTGCGGCGGAGGCTGTGGATCCCGACTTCGAATATTTGTTGCTGCCA
>HPV93_Beta_37089393_nt674_E7_AOS|1
ACAGCTTTCAAGATTATTGTGTTCTGCGGCGGAGGCTGTGGATCCCGACTTCGAATATTT
>HPV12_Beta_396910_nt860_E7_AOS|1
TATTTTTGTCAACGCAACTGATACTGGCATTAGGACCCTACAGGACCTGCTGATCAGTGA
>HPV12_Beta_396910_nt880_E7_AOS|1
ATACTGGCATTAGGACCCTACAGGACCTGCTGATCAGTGACCTGCAGCTGCTGTGCCAG
>HPV12_Beta_396910_nt872_E7_AOS|1
CGCAACTGATACTGGCATTAGGACCCTACAGGACCTGCTGATCAGTGACCTGCAGCTGCT
>HPV15_Beta_396924_nt798_E7_AOS|1
TATAGTGGTTGCAACTCCATTTGGAATTCGCTCACAACAAGACTTATTATTGGAAGAAGT
>HPV15_Beta_396924_nt811_E7_AOS|1
ACTCCATTTGGAATTCGCTCACAACAAGACTTATTATTGGAAGAAGTTAAGTTGGTGTGT
>HPV17_Beta_396932_nt810_E7_AOS|1
TCTTGCAACGCACGCTGGAATTCGTTTACAAGAGGAGCTTTTATTAGGTGAAGTACAGTT
>HPV17_Beta_396932_nt801_E7_AOS|2
GCTTATTGTTCTTGCAACGCACGCTGGAATTCGTTTACAAGAGGAGCTTTTATTAGGTGA
>HPV17_Beta_396932_nt792_E7_AOS|1
TAAGCTACGGCTTATTGTTCTTGCAACGCACGCTGGAATTCGTTTACAAGAGGAGCTTTT
>HPV19_Beta_396940_nt904_E7_AOS|1
AATTTGGTATTAGAACCTACAGGACATCCTGATTGAAGAATTGCAACTGTTGTGCCCGG
>HPV19_Beta_396940_nt898_E7_AOS|1
CCACGCAATTTGGTATTAGAACCTACAGGACATCCTGATTGAAGAATTGCAACTGTTGT
>HPV19_Beta_396940_nt892_E7_AOS|1
TGAAAGCCACGCAATTTGGTATTAGAACCTACAGGACATCCTGATTGAAGAATTGCAAC
>HPV25_Beta_396948_nt888_E7_AOS|1
GATTTTGGTATTAGAACCTACAAAACCTTCTAATTGAAGAACTGCAGCTGTTGTGTCCG
>HPV25_Beta_396948_nt882_E7_AOS|1
GCCACTGATTTGGTATTAGAACCTACAAAACCTTCTAATTGAAGAACTGCAGCTGTTG
>HPV25_Beta_396948_nt872_E7_AOS|1
CTTTGTGAAAGCCACTGATTTTGGTATTAGAACCTACAAAACCTTCTAATTGAAGAACT
>HPV30_Alpha_396973_nt579_E7_AOS|1
TAACAACATATCCAGAATATATTTTGGACCTTGTAACCGCAAACCTGAAATTGACCTGCATT
>HPV30_Alpha_396973_nt572_E7_AOS|1
GGTAAAGTAACAACCTATTCCAGAATATATTTTGGACCTTGTAACCGCAAACCTGAAATTGAC
>HPV3_Alpha_397005_nt624_E7_AOS|1
AAGATGAGTATATAAATGCTGTGGAACCAGCGCAACAAGCGTATTGTGTAGTCACAGTGT

>HPV40_Alpha_397014_nt752_E7_AOS|1
TGTTTGGTGCCTTAGCAGTGCATTGTTCCATCACTGATATAACACAGTTCAGCAGTTG
>HPV40_Alpha_397014_nt743_E7_AOS|1
TTTTGTCAGTGTTTGGTGCCTTAGCAGTGCATTGTTCCATCACTGATATAACACAGTTC
>HPV45_Alpha_397022_nt615_E7_AOS|1
AAATTGTATTGCATTTGGAACCTCAGAATGAATTAGATCCTGTTGACCTGTTGTGTTACG
>HPV45_Alpha_397022_nt793_E7_AOS|1
TGACGGCAGAATTGAGCTTACAGTAGAGAGCTCGGCAGAGGACCTTAGAACACTACAGCA
>HPV52_Alpha_397038_nt752_E7_AOS|1
TACGGCTATGCATTCATAGCACTGCGACGGACCTTCGTACTCTACAGCAAATGCTGTTGG
>HPV52_Alpha_397038_nt747_E7_AOS|1
CACACTACGGCTATGCATTCATAGCACTGCGACGGACCTTCGTACTCTACAGCAAATGCT
>HPV56_Alpha_397053_nt592_E7_AOS|1
GCTGCAAGACGTTGTATTAGAACTAACACCTCAAACAGAAATTGACCTACAGTGCAATGA
>HPV56_Alpha_397053_nt585_E7_AOS|1
TACCAACGCTGCAAGACGTTGTATTAGAACTAACACCTCAAACAGAAATTGACCTACAGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt645_E7_AOS|1
GCAGAACTCAGACGGCTGCAACAACACTACTGACGGATGCACTGGAGATAGTGTGTCCCGGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt602_E7_AOS|1
TATTTGCAACTGTTTAGTTAGTTGGTTGGTGTAAAGTGGAGACGCAGAACTCAGACGGCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt736_E7_AOS|1
GCAGTGCTCTGACAGTGACATCAAGAAGCTAGAAGACCTGCTGTTGGGCACATTAAAAAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt680_E7_AOS|1
GTTTACAGAGTTGTAACAGAGTGACATCCTGTCTGTGTGTAATTCGACTTGTTGTGCAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt671_E7_AOS|1
AATCTACAAGTTTACAGAGTTGTAACAGAGTGACATCCTGTCTGTGTGTAATTCGACTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt666_E7_AOS|1
AAGTGAATCTACAAGTTTACAGAGTTGTAACAGAGTGACATCCTGTCTGTGTGTAATTC
>HPV81_Alpha_40804509_nt726_E7_AOS|1
GTATTTGTAGGTGTTTAGTTAGGCTGGTGGTGTAAAGTGGAGACGCAGACCTGAGGCTGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt773_E7_AOS|1
GACCTGAGGCTGCTGCAACAACACTACTGACGGATACACTGTCCATAGTGTGTCCTGGCTGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt545_E7_AOS|1
CATGGCCAGGCAGCAACGATAAAGGACATTGTCCTAGATGAGTATCCTGATGTGATTGAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt756_E7_AOS|1
AACTTCTTCTGGAAGGGAAGGTGATATTTTGCTGTGTTGGGTGTGCAAGAAATCACAGCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt762_E7_AOS|1
TTCTGGAAGGGAAGGTGATATTTTGCTGTGTTGGGTGTGCAAGAAATCACAGCAGAAATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt679_E7_AOS|1
TACCTGTTGTTATAATTGTGAAGCAAATGTAAGAATCACTTTGTATGCTGTTGCATTTGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt793_E7_AOS|1
TAAATGTGAGGCCAGTCTGCAGTTAGTGGTGGAAAGTTCAGCAGCCGATCTACGAGATCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt804_E7_AOS|1
CCAGTCTGCAGTTAGTGGTGGAAAGTTCAGCAGCCGATCTACGAGATCTCCAGCAGCTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt954_E7_AOS|1
CCGGCTGAAAATCTACGTTTCTGCTACACAGTTTGGAAATTCGTTCTTTAGAAGACTTGCT
>HPV96_Beta_50253426_nt961_E7_AOS|1
AAAATCTACGTTTCTGCTACACAGTTTGGAAATTCGTTCTTTAGAAGACTTGCTGCTAGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt949_E7_AOS|1
GATTCCCGGCTGAAAATCTACGTTTCTGCTACACAGTTTGGAAATTCGTTCTTTAGAAGAC
>HPV96_Beta_50253426_nt944_E7_AOS|1
GCTGTGATTCCCGGCTGAAAATCTACGTTTCTGCTACACAGTTTGGAAATTCGTTCTTTAG
>HPV96_Beta_50253426_nt939_E7_AOS|1
TGGAGGCTGTGATTCCCGGCTGAAAATCTACGTTTCTGCTACACAGTTTGGAAATTCGTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt846_E7_AOS|1

AGAGTTGACAGAAGAGCAGTCAGAAAACCTGTCAGAATCTACAGTAGCAGAGGTGGAGCC
>HPV96_Beta_50253426_nt839_E7_AOS|1
GTGACGAAGAGTTGACAGAAGAGCAGTCAGAAAACCTGTCAGAATCTACAGTAGCAGAGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt440_E7_AOS|1
AATAGCAGAGATTGTACTAGAAGAAATACCAGATATAGTTGACCTATATTGTAATGAACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt450_E7_AOS|1
ATTGTACTAGAAGAAATACCAGATATAGTTGACCTATATTGTAATGAACAAGGTATAGAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt430_E7_AOS|1
ATACAGCAACAATAGCAGAGATTGTACTAGAAGAAATACCAGATATAGTTGACCTATATT
>HPV59_Alpha_557236_nt746_E7_AOS|1
AAGTGTAAATAATCAACTTCAGCTAGTAGTAGAAAACCTCGCAAGACGGATTGCGAGCCTTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt742_E7_AOS|1
GTACAGAAACAGACATCAGAGAAGTGCAACAGCTTCTGTTGGGAACACTAAACATAGTGT
>HPV57_Alpha_60882_nt728_E7_AOS|1
TGCGGAGCGGCGGACATAAGGCATCTGGAGCAGCTGTTCTGAATACGTTGACCATAGTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt816_E7_AOS|1
GCGGTGGAGCAGCTGCTGATGGGCGACGTGAGTTTGGTGTGCCACCAGTGTGCTACATAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt808_E7_AOS|1
ACGTCCGAGCGGTGGAGCAGCTGCTGATGGGCGACGTGAGTTTGGTGTGCCACCAGTGTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt790_E7_AOS|1
TACTAAGCAGTCGACAGAACGTCCGAGCGGTGGAGCAGCTGCTGATGGGCGACGTGAGTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt804_E7_AOS|1
CATATTTTCAGCAAATGTTACTGGGCGACCTAAGCCTGGTGTGCCCCGTGGTGTGCGACCAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt758_E7_AOS|1
CGAGTGTTGTACAGCTCGCAGTGGAAGCAGTGAGACAGCCTTCGCATATTTTCAGCAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt718_E7_AOS|1
GATACGTGTTACAGAATTAAAGTGCACTGTTGCAGGTGTTTCAGTGTTGTACAGCTCGCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt697_E7_AOS|1
CCAGCCAGACAAGCTGGACAGGATACGTGTTACAGAATTAAAGTGCACTGTTGCAGGTGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt702_E7_AOS|1
CAAGGCACTGCAACTAGTAGTAGAAGCGTCGCGGACAACCTGCGGACACTACAACAGCT
>HPV97_Alpha_71726694_nt514_E7_AOS|1
AAATTATATTGCATTTGCAACCCCAAAATGAAATAAATTCGGCTGACCTCAATGTTATG
>HPV97_Alpha_71726694_nt499_E7_AOS|1
AACCAACATTACAAGAAATTATATTGCATTTGCAACCCCAAAATGAAATAAATTCGGCTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt480_E7_AOS|1
CAACCAACCTTAAAGGACATCCTGTTAGAAATTGGATGAGCCAGATGTTGTTGACCTGCAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt428_E7_AOS|1
CCACGCAGCAACGATAGCAGATATAGTTTGTAGAAGAAATTACCAGATGTAATTGACCTGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt440_E7_AOS|1
GATAGCAGATATAGTTTGTAGAAGAAATTACCAGATGTAATTGACCTGTATTGTAATGAGCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt656_E7_AOS|1
CCACGCAACATAGCACACTATTACAATGCTACCAAATACTAACGTCTGTAGTAAATGTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt732_E7_AOS|1
GGTGGTGGAGTGACAGGACCTGACATTCACGACCTACACGACCTACTGCTGGGCACGCT
>HPV13_Alpha_85827580_nt673_E7_AOS|1
CTATTACAATGCTACCAAATACTAACGTCTGTAGTAAATGTTGTAGCAACGTCCGGCTG
>HPV2_Alpha_9626032_nt724_E7_AOS|1
GTTGAGTGCGGACAAGCAGACCTAAGAGAGCTGGAACAGCTGTTCTTGAAGACGCTGACT
>HPV2_Alpha_9626032_nt736_E7_AOS|1
CAAGCAGACCTAAGAGAGCTGGAACAGCTGTTCTTGAAGACGCTGACTCTAGTGTGCCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt865_E7_AOS|1
AGCAAGCAACACTGGGATACGGAATCTACAGGCACTCCTGGTCAACAGTCACCTTGACCT
>HPV41_Nu_9626041_nt855_E7_AOS|1
TTGTATGCGTAGCAAGCAACACTGGGATACGGAATCTACAGGCACTCCTGGTCAACAGTC

>HPV41_Nu_9626041_nt845_E7_AOS|1
ATCATACGATTTGTATGCGTAGCAAGCAACACTGGGATACGGAATCTACAGGCACTCCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt835_E7_AOS|1
TTGCCAGGCTATCATACGATTTGTATGCGTAGCAAGCAACACTGGGATACGGAATCTACA
>HPV41_Nu_9626041_nt816_E7_AOS|1
TAGAGAGTCAGTGTCCATTTTGCCAGGCTATCATACGATTTGTATGCGTAGCAAGCAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt806_E7_AOS|1
TTATACCTGGTAGAGAGTCAGTGTCCATTTTGCCAGGCTATCATACGATTTGTATGCGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt796_E7_AOS|1
CAGGAGAACATTATACCTGGTAGAGAGTCAGTGTCCATTTTGCCAGGCTATCATACGATT
>HPV41_Nu_9626041_nt786_E7_AOS|1
TCCCCACACCCAGGAGAACATTATACCTGGTAGAGAGTCAGTGTCCATTTTGCCAGGCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt776_E7_AOS|1
GTGCAGCAAGTCCCCACACCCAGGAGAACATTATACCTGGTAGAGAGTCAGTGTCCATTT
>HPV41_Nu_9626041_nt766_E7_AOS|1
GCGGGAACAGGTGCAGCAAGTCCCCACACCCAGGAGAACATTATACCTGGTAGAGAGTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt657_E7_AOS|1
GCAACCTTATGCTGTCTGCTTCCTGTGCCTATTGCGAGAACTGGTTCGATTGACCGT
>HPV1_Mu_9626063_nt684_E7_AOS|1
TGCCTATTGCGAGAACTGGTTCGATTGACCGTCCTCGCGGATCACAGCGCCATTAGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt675_E7_AOS|1
TGCTTCCTGTGCCTATTGCGAGAACTGGTTCGATTGACCGTCCTCGCGGATCACAGCGC
>HPV1_Mu_9626063_nt666_E7_AOS|1
TGCTGTCTGTTGCTTCCTGTGCCTATTGCGAGAACTGGTTCGATTGACCGTCCTCGCGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt648_E7_AOS|1
GTCGCCTCAGCAACCTTATGCTGTCTGCTTCCTGTGCCTATTGCGAGAACTGGTTCG
>HPV18_Alpha_9626069_nt810_E7_AOS|1
TAGTAGTAGAAAGCTCAGCAGACGACCTTCGAGCATTCCAGCAGCTGTTTCTGAACACCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt802_E7_AOS|1
AATTGAGCTAGTAGTAGAAAGCTCAGCAGACGACCTTCGAGCATTCCAGCAGCTGTTTCT
>HPV18_Alpha_9626069_nt795_E7_AOS|1
AAGCCAGAATTGAGCTAGTAGTAGAAAGCTCAGCAGACGACCTTCGAGCATTCCAGCAGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt788_E7_AOS|1
AAGTGTGAAGCCAGAATTGAGCTAGTAGTAGAAAGCTCAGCAGACGACCTTCGAGCATTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt720_E7_AOS|1
CTGCTGAGCTCGGACTACGGACCTTGAACAACCTTCTTGTAGAAGGAAAGCTGACGTTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt708_E7_AOS|1
TTACATTGTATGCTGCTGAGCTCGGACTACGGACCTTGAACAACCTTCTTGTAGAAGGAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt686_E7_AOS|1
AGATGTGAAGTTGCTGTAAGAATTACATTGTATGCTGCTGAGCTCGGACTACGGACCTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt697_E7_AOS|1
CGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTCTGACCTGTCTACTCTTACGCGTCTGGAGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt690_E7_AOS|1
GTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTCTGACCTGTCTACTCTTACGCGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt683_E7_AOS|1
CCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTCTGACCTGTCTACTCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt676_E7_AOS|1
TGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTCTGACCTGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt669_E7_AOS|1
ATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTCTG
>HPV63_Mu_9626605_nt662_E7_AOS|1
TATCCATATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt655_E7_AOS|1
GTCTGAATATCCATATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCT
>HPV63_Mu_9626605_nt648_E7_AOS|1

AGGAGGAGTCTGAATATCCATATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt744_E7_AOS|1
TGACTCTACGCTTCGGTTGTGCGTACAAAGCACACACGTAGACATTCGTACTTTGGAAGA
>HPV5_Beta_9627145_nt795_E7_AOS|1
AACGAAAGGATCTCTTACAAAGTTATAGCTCCGTGCGGTTGCAGGAACGTGAGGTCAAG
>HPV5_Beta_9627145_nt788_E7_AOS|1
GCCTGACAACGAAAGGATCTCTTACAAAGTTATAGCTCCGTGCGGTTGCAGGAACGTGTA
>HPV10_Alpha_9627257_nt551_E7_AOS|1
GATATCGAATTGAGTCTTGCACCAGAGGATATCCCTGTATGCAATGTGCAATTAGATGAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt803_E7_AOS|1
TTTCAGTGTCTGGAGCAGATGTTAATGGAAGACGTGTCCTTGGTGTGCCATCAGTGTGCTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt782_E7_AOS|1
TGCAGAGCAGTCGACAGAACGTTTCGAGTGTCTGGAGCAGATGTTAATGGAAGACGTGTCCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt560_E7_AOS|1
ATTATTTTGTATGACCTGCCAACGTGTGACCCGACAACGTGCGACACACCGCCGGTTGAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt641_E7_AOS|2
GACACCTCAGATGAAGATGATGAAGACGATGACCAACCTATAAAACAGGACATACAACGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt741_E7_AOS|2
TGTGTCTTACCATTGAGAGCACACACGCTGACCTATTAGTGTTAGAAGACCTGCTTATGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt731_E7_AOS|1
CAGTCCACAGTGTGTCTTACCATTGAGAGCACACACGCTGACCTATTAGTGTTAGAAGAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt721_E7_AOS|2
CAGCAGATGTCAGTCCACAGTGTGTCTTACCATTGAGAGCACACACGCTGACCTATTAGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt711_E7_AOS|1
TTACTGATTGCAGCAGATGTCAGTCCACAGTGTGTCTTACCATTGAGAGCACACACGCTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt695_E7_AOS|1
GCCTGGTACAGAATAGTTACTGATTGCAGCAGATGTCAGTCCACAGTGTGTCTTACCATT
>HPV49_Beta_9627363_nt805_E7_AOS|1
CTGCGAGTCTTCGTGTTAGCCACTGACGCTGCTATTAGAAGTTTCCAAGAACTGCTTCTG
>HPV49_Beta_9627363_nt798_E7_AOS|1
TGCCAGACTGCGAGTCTTCGTGTTAGCCACTGACGCTGCTATTAGAAGTTTCCAAGAACT
>HPV49_Beta_9627363_nt791_E7_AOS|1
GATGCGGTGCCAGACTGCGAGTCTTCGTGTTAGCCACTGACGCTGCTATTAGAAGTTTCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt581_E7_AOS|2
GTACCAACACTTCCACAATATATTATAGAACTTATACCACAAACTGAGATTGACCTGCAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt574_E7_AOS|1
CGGTAACGTACCAACACTTCCACAATATATTATAGAACTTATACCACAAACTGAGATTGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt758_E7_AOS|1
GTTTCGCTAGTAGTCCATTGTACTGCTACTGATATAAGGCAGGTTTCATCAGTTGCTGATG
>HPV9_Beta_9627396_nt833_E7_AOS|2
CAAATTTAGGAATTCGAGCGCAACAGGAACTTTGTCTGGGTGATATACAACCTGGTGTGTC
>HPV9_Beta_9627396_nt824_E7_AOS|1
TGCTTGCTACAAATTTAGGAATTCGAGCGCAACAGGAACTTTGTCTGGGTGATATACAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt815_E7_AOS|1
GTTTATACGTGCTTGCTACAAATTTAGGAATTCGAGCGCAACAGGAACTTTGTCTGGGTG
>HPV9_Beta_9627396_nt800_E7_AOS|1
GCGGTGCAAGACTTCGTTTATACGTGCTTGCTACAAATTTAGGAATTCGAGCGCAACAGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt634_E7_AOS|1
AGAAGATGAGACAGCAGTAACACAACCTGACAAACAAGCATTTAAGGTGTTAAGCCAGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt706_E7_AOS|1
TTGTAAAGACAGTACGGCTATGTGTGTATAGCACGCACACAGGCATAAGGGTACTGCAGGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt648_E7_AOS|1
CAGTAACACAACCTGACAAACAAGCATTTAAGGTGTTAAGCCAGTGTGGAGGTGTGTGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt726_E7_AOS|1
GGTGGAGCCTGAAAGAAGAGCTTACAAAATAATACTTTGTTGCGGCGGCGGTTGTGGAAC

>HPV24_Unclassified_9628486_nt645_E7_AOS|1
ACAAGACATTGTCTTAGAGTTGACTGAGCCACAGACTGTTGATTTGCACTGTGAAGAGGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt635_E7_AOS|1
AGGTCACCTCTACAAGACATTGTCTTAGAGTTGACTGAGCCACAGACTGTTGATTTGCACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt734_E7_AOS|1
TGAAAGAGCTTTGTTTATTTTGTCTGCGTGCTCCAGACAACCTCCCCGCAATGGCAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt725_E7_AOS|1
AACTGTTACTGAAAGAGCTTTGTTTATTTTGTCTGCGTGCTCCAGACAACCTCCCCGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt716_E7_AOS|1
GTTTTTGAGCAACTGTTACTGAAAGAGCTTTGTTTATTTTGTCTGCGTGCTCCAGACAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt707_E7_AOS|1
GAATACGTTGTTTGTAGCAACTGTTACTGAAAGAGCTTTGTTTATTTTGTCTGCGTGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt652_E7_AOS|1
AAGTGTCACAATTGTGGCTGTGCGATAAGGGTGACAGTCGCTGCAACTGAATTTGGAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt643_E7_AOS|1
ATAGACTCCAAGTGTCACAATTGTGGCTGTGCGATAAGGGTGACAGTCGCTGCAACTGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt634_E7_AOS|1
CCGTACCGGATAGACTCCAAGTGTCACAATTGTGGCTGTGCGATAAGGGTGACAGTCGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt625_E7_AOS|1
GAGTTTTGTCCGTACCGGATAGACTCCAAGTGTCACAATTGTGGCTGTGCGATAAGGGTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt643_E7_AOS|1
ATTGATTCTACGTGTAAGCATTGTCAATTGTGCGTTAGACTGTGTTGTGTCGCCACCGAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt634_E7_AOS|1
CCATTCAAGATTGATTCTACGTGTAAGCATTGTCAATTGTGCGTTAGACTGTGTTGTGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt625_E7_AOS|1
GAAAGGTCACCATTCAAGATTGATTCTACGTGTAAGCATTGTCAATTGTGCGTTAGACTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt616_E7_AOS|1
GCAGAATCTGAAAGGTCACCATTCAAGATTGATTCTACGTGTAAGCATTGTCAATTGTGCG
>HPV60_Gamma_9628566_nt552_E7_AOS|1
ATAACCTTGATGTAAATTTGGAGGAGTTGGTTTTACCTGTCAGTCTTTTAGCTGATGAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt542_E7_AOS|1
CCTAATGTTAATAACCTTGATGTAAATTTGGAGGAGTTGGTTTTACCTGTCAGTCTTTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt532_E7_AOS|1
TGGTAATCAGCCTAATGTTAATAACCTTGATGTAAATTTGGAGGAGTTGGTTTTACCTGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt547_E7_AOS|1
CATAGTCCTTGAAGAGCGTCCTGAGGTGGTTGACCTACATTGCAATGAGCAGTTATTAGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt601_E7_AOS|1
ATTAGACAGCTCAGAGTCAGAGGAGGAGGATAGTGTGCGTGAGCAACTTGTTGAACAAGC
>HPV8_Beta_333074_nt846_E7_AOS_rc|1
TGAACAGCAATTCTTGAAAGGTCCTGATACCCGAATCAGTTGCGTTGACAAAAAGACGTA
>HPV51_Alpha_333087_nt756_E7_AOS_rc|1
TCTGCTGTACAACGCGAAGGGTGTCTCCACTGCTTTCCACTGCCAGTTGTACTACACTTG
>HPV51_Alpha_333087_nt716_E7_AOS_rc|1
TGCCAGTTGTACTACACTTGAACACCTGCAACACGGAGCTTCAATTCTGTAACACGTAGC
>HPV20_Beta_1020162_nt893_E7_AOS_rc|1
GCTCGTCAATCAGCAATTGTTGAAAGCTTCTAATAGCAAATTCTGTAGCGCTTATAAAGA
>HPV20_Beta_1020162_nt881_E7_AOS_rc|1
GCAATTGTTGAAAGCTTCTAATAGCAAATTCTGTAGCGCTTATAAAGATGCGAAGTTTCA
>HPV22_Beta_1020178_nt847_E7_AOS_rc|1
ACACAAAAGTTTTACAGGTCCAAGTAGAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGT
>HPV22_Beta_1020178_nt841_E7_AOS_rc|2
AAGTTTTACAGGTCCAAGTAGAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAG
>HPV22_Beta_1020178_nt835_E7_AOS_rc|1
TACAGGTCCAAGTAGAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATA
>HPV22_Beta_1020178_nt829_E7_AOS_rc|2

TCCAAGTAGAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt823_E7_AOS_rc|1
TAGAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTTCAGCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt817_E7_AOS_rc|1
TGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTTCAGCTTTGTATC
>HPV22_Beta_1020178_nt811_E7_AOS_rc|1
AAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTTCAGCTTTGTATCACAACC
>HPV22_Beta_1020178_nt800_E7_AOS_rc|1
TTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTTCAGCTTTGTATCACAACCCCCACAATATA
>HPV22_Beta_1020178_nt794_E7_AOS_rc|1
AGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTTCAGCTTTGTATCACAACCCCCACAATATACTACAA
>HPV23_Beta_1020186_nt877_E7_AOS_rc|1
TCGACAGGCAGGACACACCAGCTTCACGTTTCTAGCAAAGATGCTTGGAACGAGCGAAT
>HPV23_Beta_1020186_nt867_E7_AOS_rc|1
GGACACACCAGCTTCACGTTTCTAGCAAAGATGCTTGGAACGAGCGAATTCCAAAATCT
>HPV23_Beta_1020186_nt857_E7_AOS_rc|1
GCTTCACGTTTCTAGCAAAGATGCTTGGAACGAGCGAATTCCAAAATCTGTGGCTAGCA
>HPV23_Beta_1020186_nt847_E7_AOS_rc|1
TTCTAGCAAAGATGCTTGGAACGAGCGAATTCCAAAATCTGTGGCTAGCACGTAAAGCTT
>HPV23_Beta_1020186_nt837_E7_AOS_rc|1
GATGCTTGGAACGAGCGAATTCCAAAATCTGTGGCTAGCACGTAAAGCTTTAACTGTGTC
>HPV23_Beta_1020186_nt827_E7_AOS_rc|1
ACGAGCGAATTCCAAAATCTGTGGCTAGCACGTAAAGCTTTAACTGTGTCTCACAGCCTC
>HPV28_Alpha_1020202_nt573_E7_AOS_rc|1
GTTCTCCACATTTGTATAATCTTCTTCATCTAATTGCACATTGCATTGCACTGGGACGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt715_E7_AOS_rc|1
CAGCGAGGGCACACGACCGTCAGTGTGCCCAACAGGAGCTGCTCCAATGCCCTTATATCT
>HPV36_Beta_1020218_nt861_E7_AOS_rc|1
CAGGTCACCGGTCAGCAACTGTTGAAATGCTCTGATGCCAAATTCTGTAGCTTGGACAAA
>HPV36_Beta_1020218_nt853_E7_AOS_rc|1
CGGTCAGCAACTGTTGAAATGCTCTGATGCCAAATTCTGTAGCTTGGACAAAAACGCGGA
>HPV36_Beta_1020218_nt847_E7_AOS_rc|1
GCAACTGTTGAAATGCTCTGATGCCAAATTCTGTAGCTTGGACAAAAACGCGGAGCTTGA
>HPV37_Beta_1020226_nt803_E7_AOS_rc|1
GCACTTCACCAAGTAATAGCTCTTCTGTGATCTAATTCCAATAGGCGTTGCAACAACCTA
>HPV37_Beta_1020226_nt812_E7_AOS_rc|1
AAACCAGCTGCACCTTCACCAAGTAATAGCTCTTCTGTGATCTAATTCCAATAGGCGTTG
>HPV37_Beta_1020226_nt794_E7_AOS_rc|1
CAAGTAATAGCTCTTCTGTGATCTAATTCCAATAGGCGTTGCAACAACCTATCAGTCGTA
>HPV37_Beta_1020226_nt785_E7_AOS_rc|1
GCTCTTCTGTGATCTAATTCCAATAGGCGTTGCAACAACCTATCAGTCGTAGTTTAGAAC
>HPV38_Beta_1020234_nt752_E7_AOS_rc|1
GTTTTAGCCTTACTTCACAACCCCCACAAAGAACTATGATTTTGTATGGGGTGTATGCTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt592_E7_AOS_rc|1
TCATTGCATTGTAGGTCAATTTCCGTTTGCGGTGCAAGTTCTAATATAACCTCTTGCAAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt585_E7_AOS_rc|1
ATTGTAGGTCAATTTCCGTTTGCGGTGCAAGTTCTAATATAACCTCTTGCAACGTTGGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt171_E7_AOS_rc|1
AGCTGTGTGTTCAAAGTTTCTAATGCCCTCCTCCGTGGCTACCACATACATACACAATGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt165_E7_AOS_rc|1
TGTTCAAAGTTTCTAATGCCCTCCTCCGTGGCTACCACATACATACACAATGACTTCTCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt159_E7_AOS_rc|1
AAGTTTCTAATGCCCTCCTCCGTGGCTACCACATACATACACAATGACTTCTCACAATAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt153_E7_AOS_rc|1
CTAATGCCCTCCTCCGTGGCTACCACATACATACACAATGACTTCTCACAATACTTGCAA

>HPV103_Unclassified_109390382_nt147_E7_AOS_rc|1
CCCTCCTCCGTGGCTACCACATACATACACAATGACTTCTCACAATACTTGCAATCTGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt151_E7_AOS_rc|2
CCTTATTGCCCCGTCCGTAGCTAGTACATGTAATGCTAAGGTTTTGTGACACTGCCCACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt162_E7_AOS_rc|1
TGTTCCACAGACCTTATTGCCCCGTCCGTAGCTAGTACATGTAATGCTAAGGTTTTGTGA
>HPV70_Alpha_1173493_nt804_E7_AOS_rc|1
TGCAGTAGAGATCGCAGGTTCTTGTGAGGCTTCTACTACTAAGTGCAGTGTAGTATTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt739_E7_AOS_rc|1
TGTGCCCAGTAACAGCTGTTGAAGCGCTCTTATGTCTGCTTCGTCGCTTTCCACCACAAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt729_E7_AOS_rc|1
AACAGCTGTTGAAGCGCTCTTATGTCTGCTTCGTCGCTTTCCACCACAAGCCTAACTGCA
>HPV84_Alpha_12958167_nt437_E7_AOS_rc|1
TCACAGTATAAACTAACTACATCTGGTATATCTGTTAAAATAATATCCTTTAACGTTGGC
>HPV84_Alpha_12958167_nt427_E7_AOS_rc|1
AACTAACTACATCTGGTATATCTGTTAAAATAATATCCTTTAACGTTGGCGTCTGGCCGC
>HPV107_Beta_126131393_nt885_E7_AOS_rc|1
CTGCAATGCCCCGAATGCCAAAATGGGTTGCAAAAACGTAGAGACGAAGTTTCACTGGACA
>HPV107_Beta_126131393_nt879_E7_AOS_rc|1
TGCCCGAATGCCAAAATGGGTTGCAAAAACGTAGAGACGAAGTTTCACTGGACACCCAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt873_E7_AOS_rc|1
AATGCCAAAATGGGTTGCAAAAACGTAGAGACGAAGTTTCACTGGACACCCAGAACAAGG
>HPV107_Beta_126131393_nt867_E7_AOS_rc|1
AAAATGGGTTGCAAAAACGTAGAGACGAAGTTTCACTGGACACCCAGAACAAGGTACTAC
>HPV107_Beta_126131393_nt861_E7_AOS_rc|2
GGTTGCAAAAACGTAGAGACGAAGTTTCACTGGACACCCAGAACAAGGTACTACAATTTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt623_E7_AOS_rc|1
TGCTTGTTCTACAAGTTGCTCCTGCACACCAACACCGTCCCTCTCATCCTCTGACTCTGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt617_E7_AOS_rc|1
TTCTACAAGTTGCTCCTGCACACCAACACCGTCCCTCTCATCCTCTGACTCTGACTCTGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt607_E7_AOS_rc|1
TGCTCCTGCACACCAACACCGTCCCTCTCATCCTCTGACTCTGACTCTGAGCTGTCTAGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt719_E7_AOS_rc|1
CTCTTAAATCAGCTTTTGCTTTCAATGGCAAGGCATACTGTGCACTGACACTTCGTGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt736_E7_AOS_rc|1
AAGCAACTCTTCTATCACTCTTAAATCAGCTTTTGCTTTCAATGGCAAGGCATACTGT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt431_E7_AOS_rc|1
TGTAGGTTAACTACATCTGGTATTTTACATAACACTATATCTTTTATGGTCGGCGTCTGG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt441_E7_AOS_rc|1
CTCGTCACAATGTAGGTTAACTACATCTGGTATTTTACATAACACTATATCTTTTATGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt644_E7_AOS_rc|1
CGGCTGGTGAAGCTAGAACAAATACCCTTACACCTGCTTCACAGAAGGCGCAACTGGTAT
>HPV110_Beta_186461194_nt742_E7_AOS_rc|1
GAATTCCAAAACTGTTGCAAGCACAAAAGCCGAAGTCGCGCACCACAAAGGCCACAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt733_E7_AOS_rc|1
AAACTGTTGCAAGCACAAAAGCCGAAGTCGCGCACCACAAAGGCCACAAGCAGCAACAA
>HPV110_Beta_186461194_nt724_E7_AOS_rc|1
CAAGCACAAAAGCCGAAGTCGCGCACCACAAAGGCCACAAGCAGCAACAATCTTGTAAG
>HPV111_Beta_186461202_nt760_E7_AOS_rc|1
ACAAGCTGTACTTCACCCAGTAATAGTTCTTGTGTTGGGCTCTTATTCCAAGTTCCGTAGCA
>HPV111_Beta_186461202_nt752_E7_AOS_rc|1
TACTTCACCCAGTAATAGTTCTTGTGTTGGGCTCTTATTCCAAGTTCCGTAGCAAAGACGTA
>HPV111_Beta_186461202_nt744_E7_AOS_rc|1
CCAGTAATAGTTCTTGTGTTGGGCTCTTATTCCAAGTTCCGTAGCAAAGACGTATAAGCGAA
>HPV111_Beta_186461202_nt736_E7_AOS_rc|1

AGTTCTTGGTGGGCTCTTATTCCAAGTTCCGTAGCAAAGACGTATAAGCGAAGTCTTGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt765_E7_AOS_rc|2
GAATTAAGTTCTTGTGTGTGCGGATTCCAAAGAAGGTAGCAATCACAAATAGTCGAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt758_E7_AOS_rc|1
AAGTTCTTGTGTGTGCGGATTCCAAAGAAGGTAGCAATCACAAATAGTCGAAGGCGAGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt751_E7_AOS_rc|1
TGCTGTGTGCGGATTCCAAAGAAGGTAGCAATCACAAATAGTCGAAGGCGAGCGCCACAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt744_E7_AOS_rc|1
TGCGGATTCCAAAGAAGGTAGCAATCACAAATAGTCGAAGGCGAGCGCCACAACCACCAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt737_E7_AOS_rc|1
TCCAAAGAAGGTAGCAATCACAAATAGTCGAAGGCGAGCGCCACAACCACCACAAGGAGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt730_E7_AOS_rc|1
AAGGTAGCAATCACAAATAGTCGAAGGCGAGCGCCACAACCACCACAAGGAGCAACTATC
>HPV91_Alpha_22023568_nt746_E7_AOS_rc|1
AGACGAATTGAACAATAACAAGAGGTGCACTCGGTTACAACCTTGTAACTTGTAGGTCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt604_E7_AOS_rc|1
GATGTCTTAGATGTGCGTCGTGAGACAATACTACTAACCTAACCTGCACGATAGCACACAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt439_E7_AOS_rc|1
TACAATGTAGGTCAACCGCATCAGGCTGATCCAGCTCTAGAAATATGTCCTTTAAGGTTG
>HPV58_Alpha_222386_nt783_E7_AOS_rc|1
ATGGTACATGTGCCATAAGCAGCTGCTGTAGGGTTCGTACGTCGGTTGTTGTACTGTTG
>HPV58_Alpha_222386_nt768_E7_AOS_rc|1
ATAAGCAGCTGCTGTAGGGTTCGTACGTCGGTTGTTGTACTGTTGATACACAAACGAACC
>HPV58_Alpha_222386_nt744_E7_AOS_rc|1
ACGTCGGTTGTTGTACTGTTGATACACAAACGAACCGTGGTGCCACAAGTGTAACAACAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt631_E7_AOS_rc|1
ACACTAGGCTCAGTGTACCCAGTAGAAGCGTATGTAGATTGTTGATGTCTGGTCCTGTAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt646_E7_AOS_rc|1
GCGCGCACAGAGGACACACTAGGCTCAGTGTACCCAGTAGAAGCGTATGTAGATTGTTGA
>HPV74_Alpha_27462483_nt559_E7_AOS_rc|1
GCCGAAGGCTGCGATTACACACACAACAGCAGGTTACTATTTGGTAAGGCTGTGTATGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt662_E7_AOS_rc|1
CCAAATTGGGTACACGATGCAAAAATTCGAAGCTTAATTCCGCAGCCACCACACGAGGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt654_E7_AOS_rc|1
GGTACACGATGCAAAAATTCGAAGCTTAATTCCGCAGCCACCACACGAGGAACTATCTT
>HPV75_Beta_2911544_nt847_E7_AOS_rc|1
ATGTGCAATTTCTTCACGACACTCAGGACACAGGAATTGCAGCTCCTCCAACAGCAAAGT
>HPV75_Beta_2911544_nt839_E7_AOS_rc|1
TTTCTTCACGACACTCAGGACACAGGAATTGCAGCTCCTCCAACAGCAAAGTTTGAAATT
>HPV75_Beta_2911544_nt830_E7_AOS_rc|1
GACACTCAGGACACAGGAATTGCAGCTCCTCCAACAGCAAAGTTTGAAATTCTCGAATAG
>HPV75_Beta_2911544_nt815_E7_AOS_rc|1
GGAATTGCAGCTCCTCCAACAGCAAAGTTTGAAATTCTCGAATAGCCCGATCAGTAGCAA
>HPV75_Beta_2911544_nt808_E7_AOS_rc|1
CAGCTCCTCCAACAGCAAAGTTTGAAATTCTCGAATAGCCCGATCAGTAGCAAGCACAAA
>HPV76_Beta_2911551_nt846_E7_AOS_rc|1
TTGCGAATCTCTTCACGACACTCCGGACACAGGAATTGCAACTCCTCTAGCAGTAAAGAT
>HPV80_Beta_2911565_nt797_E7_AOS_rc|1
CTTCTCCAAATAGTAACCTCTTGTGCGCGAATTCCAAAGAAGTTGCAACCACCTATTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt862_E7_AOS_rc|1
GCTGGTCAGTAGTTCCTGCAGGGTTCTAATACCAAGTTCAGTTGCGTTGACAAAAACACG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt882_E7_AOS_rc|1
GGACACAGCAGCTGCAGATCGCTGGTCAGTAGTTCCTGCAGGGTTCTAATACCAAGTTCA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt875_E7_AOS_rc|1
GCAGCTGCAGATCGCTGGTCAGTAGTTCCTGCAGGGTTCTAATACCAAGTTCAGTTGCGT

>HPV65_Gamma_312100_nt702_E7_AOS_rc|1
CGTCCACTATGAGTTGTTCCAACGCTCGAAGTCCAAATTCCACAGCAAACAGAGTAATCC
>HPV65_Gamma_312100_nt684_E7_AOS_rc|1
CCAACGCTCGAAGTCCAAATTCCACAGCAAACAGAGTAATCCTTACATTAACTTCACATC
>HPV67_Alpha_3228267_nt720_E7_AOS_rc|1
TGTGAATGCACAAACGCAAAGTGCACCTCACAGATGTTACACACAGTAACAATATGGTAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt725_E7_AOS_rc|1
TGTACTGTGAATGCACAAACGCAAAGTGCACCTCACAGATGTTACACACAGTAACAATATG
>HPV67_Alpha_3228267_nt715_E7_AOS_rc|1
ATGCACAAACGCAAAGTGCACCTCACAGATGTTACACACAGTAACAATATGGTAATTGGTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt710_E7_AOS_rc|1
CAAACGCAAAGTGCACCTCACAGATGTTACACACAGTAACAATATGGTAATTGGTTGTATC
>HPV67_Alpha_3228267_nt705_E7_AOS_rc|1
GCAAAGTGCACCTCACAGATGTTACACACAGTAACAATATGGTAATTGGTTGTATCTGGTT
>HPV11_Alpha_333026_nt739_E7_AOS_rc|1
ACAATATTTAGTGTGCCCAGCAAAGGTCTTGTAGTTGTCTGATGTCTCCGTCTGTGCAC
>HPV11_Alpha_333026_nt728_E7_AOS_rc|1
TGTGCCCAGCAAAGGTCTTGTAGTTGTCTGATGTCTCCGTCTGTGCACTCCACAACCAG
>HPV31_Alpha_333048_nt696_E7_AOS_rc|1
GAAGTGTAGACTTACACTGACAACAAAGGTAACGATATTGTAATTGGATGTGTCCGGTT
>HPV31_Alpha_333048_nt743_E7_AOS_rc|1
CTCTTGCAATATGCGAATATCTACTTGTGTGCTCTGTACACACAAACGAAGTGTAGACTT
>HPV31_Alpha_333048_nt733_E7_AOS_rc|1
ATGCGAATATCTACTTGTGTGCTCTGTACACACAAACGAAGTGTAGACTTACACTGACAA
>HPV31_Alpha_333048_nt720_E7_AOS_rc|1
CTTGTGTGCTCTGTACACACAAACGAAGTGTAGACTTACACTGACAACAAAAGGTAACGA
>HPV31_Alpha_333048_nt709_E7_AOS_rc|1
TGTACACACAAACGAAGTGTAGACTTACACTGACAACAAAAGGTAACGATATTGTAATTG
>HPV33_Alpha_333049_nt763_E7_AOS_rc|1
TAAGTAGTTGCTGTATGGTTCGTAGGTCACCTGCTGTACTGTTGACACATAAACGAAGT
>HPV33_Alpha_333049_nt746_E7_AOS_rc|1
GTTTCGTAGGTCACCTGCTGTACTGTTGACACATAAACGAAGTGTGGTGTACAAAGTGTGA
>HPV33_Alpha_333049_nt736_E7_AOS_rc|1
CACTTGCTGTACTGTTGACACATAAACGAAGTGTGGTGTACAAAGTGTGACAACAGGTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt757_E7_AOS_rc|1
CATTAATAAATCTTCCAATTTACGTATGTCAATGTGTGTGCTCTGTACACACAGACGTAG
>HPV35_Alpha_333050_nt752_E7_AOS_rc|1
ATAAATCTTCCAATTTACGTATGTCAATGTGTGTGCTCTGTACACACAGACGTAGTGTG
>HPV47_Beta_333062_nt874_E7_AOS_rc|1
AGCTGCAGATCACCAGTCAAAGTTCCTGAAATGTCTGATGCCACGGTTTGTTCGCTTC
>HPV47_Beta_333062_nt867_E7_AOS_rc|1
GATCACCAGTCAAAGTTCCTGAAATGTCTGATGCCACGGTTTGTTCGCTTCACAAAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt491_E7_AOS_rc|1
TCCACGCATTGTCCTCTGCAATGCGTACACCGACCCGTCCACTGACACAATATAAATTGA
>HPV42_Alpha_333211_nt481_E7_AOS_rc|1
GTCCTCTGCAATGCGTACACCGACCCGTCCACTGACACAATATAAATTGAAATCTTGTAC
>HPV39_Alpha_333245_nt804_E7_AOS_rc|1
TGCTGTAGTTGTGCGAGAGTATCCCGTGAGGCTTCTACTACCAGCTGCAGTGTGTTGTTA
>HPV93_Beta_37089393_nt684_E7_AOS_rc|1
TGGCAGCAACAAATATTGCAAGTCGGGATCCACAGCCTCCGCCGAGAACACAATAATCT
>HPV93_Beta_37089393_nt674_E7_AOS_rc|1
AAATATTGCAAGTTCGGGATCCACAGCCTCCGCCGAGAACACAATAATCTTGAAGCTGT
>HPV12_Beta_396910_nt860_E7_AOS_rc|1
TCACTGATCAGCAGGTCTGTAGGGTCTTAATGCCAGTATCAGTTGCGTTGACAAAAATA
>HPV12_Beta_396910_nt880_E7_AOS_rc|1

CTGGGCACAGCAGCTGCAGGTCCTGATCAGCAGGTCCTGTAGGGTCCTAATGCCAGTAT
>HPV12_Beta_396910_nt872_E7_AOS_rc|1
AGCAGCTGCAGGTCCTGATCAGCAGGTCCTGTAGGGTCCTAATGCCAGTATCAGTTGCG
>HPV15_Beta_396924_nt798_E7_AOS_rc|1
ACTTCTTCCAATAATAAGTCTTGTGTGAGCGAATTCCAAATGGAGTTGCAACCACTATA
>HPV15_Beta_396924_nt811_E7_AOS_rc|1
ACACACCAACTTAACTTCTTCCAATAATAAGTCTTGTGTGAGCGAATTCCAAATGGAGT
>HPV17_Beta_396932_nt810_E7_AOS_rc|1
AACTGTACTTCACCTAATAAAAGCTCCTCTTGTGAACGAATTCCAGCGTGCGTTGCAAGA
>HPV17_Beta_396932_nt801_E7_AOS_rc|2
TCACCTAATAAAAGCTCCTCTTGTGAACGAATTCCAGCGTGCGTTGCAAGAACAATAAGC
>HPV17_Beta_396932_nt792_E7_AOS_rc|1
AAAAGCTCCTCTTGTGAACGAATTCCAGCGTGCGTTGCAAGAACAATAAGCCGTAGCTTA
>HPV19_Beta_396940_nt904_E7_AOS_rc|1
CCGGGCACAACAGTTGCAATTCTTCAATCAGGATGTCCTGTAGGGTTCTAATACCAAATT
>HPV19_Beta_396940_nt898_E7_AOS_rc|1
ACAACAGTTGCAATTCTTCAATCAGGATGTCCTGTAGGGTTCTAATACCAAATTGCGTGG
>HPV19_Beta_396940_nt892_E7_AOS_rc|1
GTTGCAATTCTTCAATCAGGATGTCCTGTAGGGTTCTAATACCAAATTGCGTGGCTTTCA
>HPV25_Beta_396948_nt888_E7_AOS_rc|1
CGGACACAACAGCTGCAGTTCTTCAATTAGAAGGTTTTGTAGTGTTCTAATACCAAATC
>HPV25_Beta_396948_nt882_E7_AOS_rc|1
CAACAGCTGCAGTTCTTCAATTAGAAGGTTTTGTAGTGTTCTAATACCAAATCAGTGGC
>HPV25_Beta_396948_nt872_E7_AOS_rc|1
AGTTCTTCAATTAGAAGGTTTTGTAGTGTTCTAATACCAAATCAGTGGCTTTCACAAAG
>HPV30_Alpha_396973_nt579_E7_AOS_rc|1
AATGCAGGTCAATTTTCAGTTTGCGGTACAAGGTCCAAATATATTCTGGAATAGTTGTTA
>HPV30_Alpha_396973_nt572_E7_AOS_rc|1
GTCAATTTTCAGTTTGCGGTACAAGGTCCAAATATATTCTGGAATAGTTGTTACTTTACC
>HPV3_Alpha_397005_nt624_E7_AOS_rc|1
ACACTGTGACTACACAATACGCTTGTGCGCTGGTTCCACAGCATTTATATACTCATCTT
>HPV40_Alpha_397014_nt752_E7_AOS_rc|1
CAACTGCTGGAAGTGTGTTATATCAGTGATGGAACAATGCACTGCTAAGCGCACCAAACA
>HPV40_Alpha_397014_nt743_E7_AOS_rc|1
GAAGTGTGTTATATCAGTGATGGAACAATGCACTGCTAAGCGCACCAAACACTGACAAAA
>HPV45_Alpha_397022_nt615_E7_AOS_rc|1
CGTAACACAACAGGTCAACAGGATCTAATTCATTCTGAGGTTCCAAATGCAATACAATTT
>HPV45_Alpha_397022_nt793_E7_AOS_rc|1
TGCTGTAGTGTTCTAAGGTCCTCTGCGAGCTCTCTACTGTAAGCTCAATTCTGCCGTCA
>HPV52_Alpha_397038_nt752_E7_AOS_rc|1
CCAACAGCATTTGCTGTAGAGTACGAAGGTCCGTCGCAGTGCTATGAATGCATAGCCGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt747_E7_AOS_rc|1
AGCATTTGCTGTAGAGTACGAAGGTCCGTCGCAGTGCTATGAATGCATAGCCGTAGTGTG
>HPV56_Alpha_397053_nt592_E7_AOS_rc|1
TCATTGCACTGTAGGTCAATTTCTGTTTGAGGTGTTAGTTCTAATACAACGTCTTGCAGC
>HPV56_Alpha_397053_nt585_E7_AOS_rc|1
ACTGTAGGTCAATTTCTGTTTGAGGTGTTAGTTCTAATACAACGTCTTGCAGCGTTGGTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt645_E7_AOS_rc|1
GCCGGGACACACTATCTCCAGTGATCCGTCAGTAGTTGTTGCAGCCGTCTGAGTTCTGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt602_E7_AOS_rc|1
AGCCGTCTGAGTTCTGCGTCTCCACTTAACACCACCAACCTAACTAAACAGTTGCAAATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt736_E7_AOS_rc|1
ATTTTTTAATGTGCCAACAGCAGGTCTTCTAGCTTCTTGATGTCACTGTGAGCACTGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt680_E7_AOS_rc|1
CTGCACAACAAGTCGAATTACACACAGACAGGATGTGCACTCTGTTACAACCTGTAAAC

>HPV43_Alpha_40804474_nt671_E7_AOS_rc|1
AAGTCGAATTACACACAGACAGGATGTGCACTCTGTTACAACCTCTGTAAACTTGTAGATT
>HPV43_Alpha_40804474_nt666_E7_AOS_rc|1
GAATTACACACAGACAGGATGTGCACTCTGTTACAACCTCTGTAAACTTGTAGATTCACCT
>HPV81_Alpha_40804509_nt726_E7_AOS_rc|1
GCAGCCTCAGGCTCTGCGTCTCCACTTAACACCACCAGCCTAACTAAACACCTACAAATAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt773_E7_AOS_rc|1
GCAGCCAGGACACACTATGGACAGTGTATCCGTCTAGTAGTTGTTGCAGCAGCCTCAGGTC
>HPV81_Alpha_40804509_nt545_E7_AOS_rc|1
GTCAATCACATCAGGATACTCATCTAGGACAATGTCCTTTATCGTTGCTGCCTGGCCATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt756_E7_AOS_rc|1
TGCTGTGATTTCTTGCACACCCAACACAGCAAAATATCACCTTCCCTTCCAGAAGAAGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt762_E7_AOS_rc|1
CATTTCTGCTGTGATTTCTTGCACACCCAACACAGCAAAATATCACCTTCCCTTCCAGAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt679_E7_AOS_rc|1
CCAAATGCAACAGCATACAAAGTGATTCTTACATTTGCTTCACAATTATAACAACAGGTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt793_E7_AOS_rc|1
AGATCTCGTAGATCGGCTGCTGAACTTTCACCACCTAACTGCAGACTGGCCTCACATTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt804_E7_AOS_rc|1
ACAGCTGCTGGAGATCTCGTAGATCGGCTGCTGAACTTTCACCACCTAACTGCAGACTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt954_E7_AOS_rc|1
AGCAAGTCTTCTAAAGAACGAATTCCAAACTGTGTAGCAGAAACGTAGATTTTCAGCCGG
>HPV96_Beta_50253426_nt961_E7_AOS_rc|1
TTCTAGCAGCAAGTCTTCTAAAGAACGAATTCCAAACTGTGTAGCAGAAACGTAGATTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt949_E7_AOS_rc|1
GTCTTCTAAAGAACGAATTCCAAACTGTGTAGCAGAAACGTAGATTTTCAGCCGGGAATC
>HPV96_Beta_50253426_nt944_E7_AOS_rc|1
CTAAAGAACGAATTCCAAACTGTGTAGCAGAAACGTAGATTTTCAGCCGGGAATCACAGC
>HPV96_Beta_50253426_nt939_E7_AOS_rc|1
GAACGAATTCCAAACTGTGTAGCAGAAACGTAGATTTTCAGCCGGGAATCACAGCCTCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt846_E7_AOS_rc|1
GGCTCCACCTCTGCTACTGTAGATTCTGACAGGTTTTCTGACTGCTCTTCTGTCAACTCT
>HPV96_Beta_50253426_nt839_E7_AOS_rc|1
CCTCTGCTACTGTAGATTCTGACAGGTTTTCTGACTGCTCTTCTGTCAACTCTTCGTCAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt440_E7_AOS_rc|1
TGTTTCATTACAATATAGGTCAACTATATCTGGTATTTCTTCTAGTACAATCTCTGCTATT
>HPV83_Alpha_5059324_nt450_E7_AOS_rc|1
GTCTATACCTTGTTTCATTACAATATAGGTCAACTATATCTGGTATTTCTTCTAGTACAAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt430_E7_AOS_rc|1
AATATAGGTCAACTATATCTGGTATTTCTTCTAGTACAATCTCTGCTATTGTTGCTGTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt746_E7_AOS_rc|1
TAAGGCTCGCAATCCGTCTTGCGAGGTTCTACTACTAGCTGAAGTTGATTATTACACTT
>HPV6_Alpha_6002612_nt742_E7_AOS_rc|1
ACACTATGTTTAGTGTTCCCAACAGAAGCTGTTGCACTTCTCTGATGTCTGTTTCTGTAC
>HPV57_Alpha_60882_nt728_E7_AOS_rc|1
CACTATGGTCAACGTATTTCAGGAACAGCTGCTCCAGATGCCTTATGTCCGCCGCTCCGCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt816_E7_AOS_rc|1
GTATGTAGCACACTGGTGGCACACCAAACCTCACGTCGCCCATCAGCAGCTGCTCCACCGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt808_E7_AOS_rc|1
CACACTGGTGGCACACCAAACCTCACGTCGCCCATCAGCAGCTGCTCCACCGCTCGGACGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt790_E7_AOS_rc|1
AACTCACGTCGCCCATCAGCAGCTGCTCCACCGCTCGGACGTTCTGTGCTGCTGCTTAGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt804_E7_AOS_rc|1
TTGGTTCGCACACCACGGGCACACCAGGCTTAGGTCGCCCAGTAACATTTGCTGAAATATG
>HPV82_Alpha_6970427_nt758_E7_AOS_rc|1

TTTGCTGAAATATGCGAAGGCTGTCTCCACTGCTTTCCACTGCGAGCTGTACAACACTCG
>HPV82_Alpha_6970427_nt718_E7_AOS_rc|1
TGCGAGCTGTACAACACTCGAACACCTGCAACAGTGCACCTTTAATTCTGTAACACGTATC
>HPV82_Alpha_6970427_nt697_E7_AOS_rc|1
ACACCTGCAACAGTGCACCTTTAATTCTGTAACACGTATCCTGTCCAGCTTGTCTGGCTGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt702_E7_AOS_rc|1
AGCTGTTGTAGTGTCCGCAGGTTGTCCCGCGACGCTTCTACTACTAGTTGCAGTGCCTTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt514_E7_AOS_rc|1
CATAACATTGAAGGTCAGCCGAATTTATTTTCATTTTGGGGTTGCAATGCAATATAATTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt499_E7_AOS_rc|1
CAGCCGAATTTATTTTCATTTTGGGGTTGCAATGCAATATAATTTCTTGTAATGTTGGTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt480_E7_AOS_rc|1
ATGCAGGTCAACAACATCTGGCTCATCCAATTCTAACAGGATGTCCTTTAAGGTTGGTTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt428_E7_AOS_rc|1
TACAGGTCAATTACATCTGGTAATTCTTCTAAACTATATCTGCTATCGTTGCTGCGTGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt440_E7_AOS_rc|1
TGCTCATTACAATACAGGTCAATTACATCTGGTAATTCTTCTAAACTATATCTGCTATC
>HPV13_Alpha_85827580_nt656_E7_AOS_rc|1
AACATTTACTACAGGACGTTAGTATTTGGTAGCATTGTAATAGTGTGCTATGTTGCGTGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt732_E7_AOS_rc|1
AGCGTGCCCGCAGTAGGTCGTGTAGGTCGTGAATGTCAGGTCCTGTACACTCCACCACC
>HPV13_Alpha_85827580_nt673_E7_AOS_rc|1
CAGCCGGACGTTGCTACAACATTTACTACAGGACGTTAGTATTTGGTAGCATTGTAATAG
>HPV2_Alpha_9626032_nt724_E7_AOS_rc|1
AGTCAGCGTCTTCAAGAACAGCTGTTCCAGCTCTCTTAGGTCTGCTTGTCCGCACTCAAC
>HPV2_Alpha_9626032_nt736_E7_AOS_rc|1
AGGGCACACTAGAGTCAGCGTCTTCAAGAACAGCTGTTCCAGCTCTCTTAGGTCTGCTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt865_E7_AOS_rc|1
AGGTCAAGGTGACTGTTGACCAGGAGTGCCTGTAGATTCCGTATCCCAGTGTTGCTTGCT
>HPV41_Nu_9626041_nt855_E7_AOS_rc|1
GACTGTTGACCAGGAGTGCCTGTAGATTCCGTATCCCAGTGTTGCTTGCTACGCATACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt845_E7_AOS_rc|1
CAGGAGTGCCTGTAGATTCCGTATCCCAGTGTTGCTTGCTACGCATACAAATCGTATGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt835_E7_AOS_rc|1
TGTAGATTCCGTATCCCAGTGTTGCTTGCTACGCATACAAATCGTATGATAGCCTGGCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt816_E7_AOS_rc|1
TGTTGCTTGCTACGCATACAAATCGTATGATAGCCTGGCAAAATGGACACTGACTCTCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt806_E7_AOS_rc|1
TACGCATACAAATCGTATGATAGCCTGGCAAAATGGACACTGACTCTCTACCAGGTATAA
>HPV41_Nu_9626041_nt796_E7_AOS_rc|1
AATCGTATGATAGCCTGGCAAAATGGACACTGACTCTCTACCAGGTATAATGTTCTCCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt786_E7_AOS_rc|1
TAGCCTGGCAAAATGGACACTGACTCTCTACCAGGTATAATGTTCTCCTGGGTGTGGGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt776_E7_AOS_rc|1
AAATGGACACTGACTCTCTACCAGGTATAATGTTCTCCTGGGTGTGGGGACTTGCTGCAC
>HPV41_Nu_9626041_nt766_E7_AOS_rc|1
TGACTCTCTACCAGGTATAATGTTCTCCTGGGTGTGGGGACTTGCTGCACCTGTTCCCGC
>HPV1_Mu_9626063_nt657_E7_AOS_rc|1
ACGGTCAATCGAACCAGTTTCTCGCAATAGGCACAGGAAGCAACGACAGCATAAGGTTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt684_E7_AOS_rc|1
TGTCTAATGGCGCTGTGATCCGCGAGGACGGTCAATCGAACCAGTTTCTCGCAATAGGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt675_E7_AOS_rc|1
GCGCTGTGATCCGCGAGGACGGTCAATCGAACCAGTTTCTCGCAATAGGCACAGGAAGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt666_E7_AOS_rc|1
TCCGCGAGGACGGTCAATCGAACCAGTTTCTCGCAATAGGCACAGGAAGCAACGACAGCA

>HPV1_Mu_9626063_nt648_E7_AOS_rc|1
CGAACCAGTTTCTCGCAATAGGCACAGGAAGCAACGACAGCATAAGGTTGCTGAGGCGAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt810_E7_AOS_rc|1
GGGTGTTTCAGAAACAGCTGCTGGAATGCTCGAAGGTCGTCTGCTGAGCTTTCTACTACTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt802_E7_AOS_rc|1
AGAAACAGCTGCTGGAATGCTCGAAGGTCGTCTGCTGAGCTTTCTACTACTAGCTCAATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt795_E7_AOS_rc|1
GCTGCTGGAATGCTCGAAGGTCGTCTGCTGAGCTTTCTACTACTAGCTCAATTCTGGCTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt788_E7_AOS_rc|1
GAATGCTCGAAGGTCGTCTGCTGAGCTTTCTACTACTAGCTCAATTCTGGCTTCACACTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt720_E7_AOS_rc|1
AAAACGTCAGCTTTTCCTTCTACAAGAAGTTGTTCCAAGGTCCGTAGTCCGAGCTCAGCAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt708_E7_AOS_rc|1
TTCCTTCTACAAGAAGTTGTTCCAAGGTCCGTAGTCCGAGCTCAGCAGCATACAATGTAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt686_E7_AOS_rc|1
CAAGGTCCGTAGTCCGAGCTCAGCAGCATACAATGTAATTCTTACAGCAACTTCACATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt697_E7_AOS_rc|1
TCCTCCAGACGCGTAAGAGTAGACAGGTCAGAAACGCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCG
>HPV63_Mu_9626605_nt690_E7_AOS_rc|1
GACGCGTAAGAGTAGACAGGTCAGAAACGCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt683_E7_AOS_rc|1
AAGAGTAGACAGGTCAGAAACGCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt676_E7_AOS_rc|1
GACAGGTCAGAAACGCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACA
>HPV63_Mu_9626605_nt669_E7_AOS_rc|1
CAGAAACGCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAATTGCAT
>HPV63_Mu_9626605_nt662_E7_AOS_rc|1
GCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAATTGCATATGGATA
>HPV63_Mu_9626605_nt655_E7_AOS_rc|1
AGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAATTGCATATGGATATTCAGAC
>HPV63_Mu_9626605_nt648_E7_AOS_rc|1
ACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAATTGCATATGGATATTCAGACTCCTCCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt744_E7_AOS_rc|1
TCTTCCAAAGTACGAATGTCTACGTGTGTGCTTTGTACGCACAACCGAAGCGTAGAGTCA
>HPV5_Beta_9627145_nt795_E7_AOS_rc|1
CTTGACCTCACAGTTCCTGCAACCGCACGGAGCTATAACTTTGTAAGAGATCCTTTTCGTT
>HPV5_Beta_9627145_nt788_E7_AOS_rc|1
TCACAGTTCTTGCAACCGCACGGAGCTATAACTTTGTAAGAGATCCTTTTCGTTGTCAGGC
>HPV10_Alpha_9627257_nt551_E7_AOS_rc|1
TTCATCTAATTGCACATTGCATACAGGGATATCCTCTGGTGCAAGACTCAATTTCGATATC
>HPV26_Alpha_9627305_nt803_E7_AOS_rc|1
CAGCACACTGATGGCACACCAAGGACACGTCTTCCATTAACATCTGCTCCAGCACTCGAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt782_E7_AOS_rc|1
AGGACACGTCTTCCATTAACATCTGCTCCAGCACTCGAACGTTCTGTGCGACTGCTCTGCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt560_E7_AOS_rc|1
GTCAACCGGCGGTGTGTGTCGACGTTGTGCGGTCACACGTTGGCAGGTCATACAAAATAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt641_E7_AOS_rc|2
ACGTTGTATGTCTTGTATAGGTTGGTCATCGTCTTCATCATCTTCATCTGAGGTGTC
>HPV34_Alpha_9627334_nt741_E7_AOS_rc|2
CCATAAGCAGGTCTTCTAACACTAATAGGTCAGCGTGTGTGCTCTCAATGGTAAGACACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt731_E7_AOS_rc|1
GTCTTCTAACACTAATAGGTCAGCGTGTGTGCTCTCAATGGTAAGACACACTGTGGACTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt721_E7_AOS_rc|2
ACTAATAGGTCAGCGTGTGTGCTCTCAATGGTAAGACACACTGTGGACTGACATCTGCTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt711_E7_AOS_rc|1

CAGCGTGTGTGCTCTCAATGGTAAGACACACTGTGGACTGACATCTGCTGCAATCAGTAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt695_E7_AOS_rc|1
AATGGTAAGACACACTGTGGACTGACATCTGCTGCAATCAGTAACTATTCTGTACCAGGC
>HPV49_Beta_9627363_nt805_E7_AOS_rc|1
CAGAAGCAGTTCTTGAAACTTCTAATAGCAGCGTCAGTGGCTAACACGAAGACTCGCAG
>HPV49_Beta_9627363_nt798_E7_AOS_rc|1
AGTTCTTGAAACTTCTAATAGCAGCGTCAGTGGCTAACACGAAGACTCGCAGTCTGGCA
>HPV49_Beta_9627363_nt791_E7_AOS_rc|1
GGAAACTTCTAATAGCAGCGTCAGTGGCTAACACGAAGACTCGCAGTCTGGCACCGCATC
>HPV53_Alpha_9627377_nt581_E7_AOS_rc|2
TTGCAGGTCAATCTCAGTTTGTGGTATAAGTTCTATAATATATTGTGGAAGTGTGGTAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt574_E7_AOS_rc|1
TCAATCTCAGTTTGTGGTATAAGTTCTATAATATATTGTGGAAGTGTGGTACGTTACCG
>HPV7_Alpha_9627389_nt758_E7_AOS_rc|1
CATCAGCAACTGATGAACCTGCCTTATATCAGTAGCAGTACAATGGACTACTAGGCGAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt833_E7_AOS_rc|2
GACACACCAGTTGTATATCACCCAGCAAAAGTTCCTGTTGCGCTCGAATTCCTAAATTTG
>HPV9_Beta_9627396_nt824_E7_AOS_rc|1
GTTGTATATCACCCAGCAAAAGTTCCTGTTGCGCTCGAATTCCTAAATTTGTAGCAAGCA
>HPV9_Beta_9627396_nt815_E7_AOS_rc|1
CACCCAGCAAAAGTTCCTGTTGCGCTCGAATTCCTAAATTTGTAGCAAGCACGTATAAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt800_E7_AOS_rc|1
CCTGTTGCGCTCGAATTCCTAAATTTGTAGCAAGCACGTATAAACGAAGTCTTGACCGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt634_E7_AOS_rc|1
CACTGGCTTAACACCTTAAATGCTTGTGTCAGGTTGTGTTACTGCTGTCTCATCTTCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt706_E7_AOS_rc|1
TCCTGCAGTACCCTTATGCCTGTGTGCGTGCTATACACACATAGCCGTAAGTCTTACAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt648_E7_AOS_rc|1
AACACACACCTCCACACTGGCTTAACACCTTAAATGCTTGTGTTGTCAGGTTGTGTTACTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt726_E7_AOS_rc|1
GTTCCACAACCGCCGCCGCAACAAAGTATTATTTTGTAAAGCTCTTCTTTCAGGCTCCACC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt645_E7_AOS_rc|1
TCCTCTTCACAGTGCAAATCAACAGTCTGTGGCTCAGTCAACTCTAAGACAATGTCTTGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt635_E7_AOS_rc|1
AGTGCAAATCAACAGTCTGTGGCTCAGTCAACTCTAAGACAATGTCTTGTAGAGTGACCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt734_E7_AOS_rc|1
ATCTGCCATTGCGGGGAAGTTGTCTGGAGCACGCAGGACAAAATAAACAAAGCTCTTTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt725_E7_AOS_rc|1
TGCGGGGAAGTTGTCTGGAGCACGCAGGACAAAATAAACAAAGCTCTTTCAGTAACAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt716_E7_AOS_rc|1
GTTGTCTGGAGCACGCAGGACAAAATAAACAAAGCTCTTTCAGTAACAGTTGCTCAAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt707_E7_AOS_rc|1
AGCACGCAGGACAAAATAAACAAAGCTCTTTCAGTAACAGTTGCTCAAAACAACGTATTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt652_E7_AOS_rc|1
TATTCCAAATTCAGTTGCAGCGACTGTCACCTTATGCGACAGCCACAATTGTGACACTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt643_E7_AOS_rc|1
TTCAGTTGCAGCGACTGTCACCTTATGCGACAGCCACAATTGTGACACTTGGAGTCTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt634_E7_AOS_rc|1
AGCGACTGTCACCTTATGCGACAGCCACAATTGTGACACTTGGAGTCTATCCGGTACGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt625_E7_AOS_rc|1
CACCTTATGCGACAGCCACAATTGTGACACTTGGAGTCTATCCGGTACGGACAAAACCTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt643_E7_AOS_rc|1
GTCGGTGGCGACACAACACAGTCTAACGCGACAATGACAATGCTTACACGTAGAATCAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt634_E7_AOS_rc|1
GACACAACACAGTCTAACGCGACAATGACAATGCTTACACGTAGAATCAATCTTGAATGG

>HPV50_Gamma_9628550_nt625_E7_AOS_rc|1
CAGTCTAACGCGACAATGACAATGCTTACACGTAGAAATCAATCTTGAATGGTGACCTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt616_E7_AOS_rc|1
GCGACAATGACAATGCTTACACGTAGAAATCAATCTTGAATGGTGACCTTTCAGATTCTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt552_E7_AOS_rc|1
CCTCATCAGCTAAAAGACTGACAGGTAAAACCAACTCCTCCAAATTTACATCAAGGTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt542_E7_AOS_rc|1
TAAAAGACTGACAGGTAAAACCAACTCCTCCAAATTTACATCAAGGTTATTAACATTAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt532_E7_AOS_rc|1
ACAGGTAAAACCAACTCCTCCAAATTTACATCAAGGTTATTAACATTAGGCTGATTACCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt547_E7_AOS_rc|1
TCTAATAACTGCTCATTGCAATGTAGGTCAACCACCTCAGGACGCTCTTCAAGGACTATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt601_E7_AOS_rc|1
GCTTGTTCAACAAGTTGCTCACGCACACTATCCTCCTCCTCTGACTCTGAGCTGTCTAAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt588_E7_VE|1
AACCTACATTGTGACGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAGGAGGACAATAGGGATTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt683_E7_VE|1
TTTGTCTAGCTTCACCAGCCGGAATTCGCACGCTTCAGCAGCTTTTACTTGCAGAGATT
>HPV36_Beta_1020218_nt664_E7_VE|1
ATGATTGGTAAAGAGGTACCGTGCAAGATATTGTTCTGGAGCTCAGTGAGGTGCAGCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt550_E7_VE|1
ATTGTGCTGGATCTGCAAGACCTTGTCCAGCCATTGACCTGCATTGTGACGAAGACTTG
>HPV59_Alpha_557236_nt663_E7_VE|1
GATGAACCAGATGGAGTTAATCATCCTTTGCTACTAGCTAGACGAGCTGAACCACAGCGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt596_E7_VE|1
ATAGTGTTGGAGTTAACACCACAACCTGAAATTGACTTGCAATGCTACGAGCAATTTGAC
>HPV52_Alpha_397038_nt704_E7_VE|1
ACAAGCAATTACTACATTGTGACATATTGTCACAGTTGTGATAGCACACTACGGCTATGC
>HPV17_Beta_396932_nt653_E7_VE|1
ATAGTGCTTGAGCTGCAACAGCTTGTCCAGCCCACTGACCTGCATTGCTACGAAGAGTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt653_E7_VE|1
TGCGCCTTCTGTGAAGCAGGTGTAAGGGTATTTGTTCTAGCTTCACCAGCCGGAATTCGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt732_E7_VE|1
GGACTACGGACCTTGAACAACCTTCTTGTAAGAAGGAAAGCTGACGTTTTGCTGCACCGCT
>HPV93_Beta_37089393_nt732_E7_VE|1
TTTGTGCTGCCACAGAATTTGGAGTTTCGTTGCTTTTCAGCAATTGCTAGTTAAGGAGTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt825_E7_VE|1
CAGTGTCATTTTGCCAGGCTATCATACGATTTGTATGCGTAGCAAGCAACACTGGGATA
>HPV34_Alpha_9627334_nt582_E7_VE|1
ATTGTGTTAGATCTGAAACCAACGACCGAGACTGACCTTACATGTTACGAGTCATTAGAC
>HPV58_Alpha_222386_nt725_E7_VE|1
GCTAATTACTACATTGTAACCTTGTGTTACACTTGTGGCACCACGGTTCGTTTGTGTATC
>HPV16_Alpha_9627100_nt623_E7_VE|1
GATCTCTACTGTTATGAGCAATTAAATGACAGCTCAGAGGAGGAGGATGAAATAGATGGT
>HPV47_Beta_333062_nt819_E7_VE|1
AAAGTGATTGCACCGTGCGGTTGCAGCTGCTGCCAGGTCAAGCTTCGCATTTTTGTGAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt591_E7_VE|1
CCTGCAAATTTGCTGAGCGATGAGGTCTTGCAACTCTCTGAGGAGGAGGATGAAGAAAGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt541_E7_VE|1
GGCGTGCGTGACCAACTGGCAGAACAAGCAAAGCAGGCCTATAGGGTGTTAACAGTGTGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt588_E7_VE|1
AGTTTAAAGTTGCAACGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAAGATGACCATGAACAAGAC
>HPV59_Alpha_557236_nt753_E7_VE|1
AATAATCAACTTCAGCTAGTAGTAGAAACCTCGCAAGACGGATTGCGAGCCTTACAGCAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt656_E7_VE|1

AGCTCAGACGAGGAGGATGAAGTAGATAATATGCGTGACCAGCCAGCCAGACAAGCTGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt182_E7_VE|1
ATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGGCATTAGAACTTTGAACAACAGCTGTGTGGAAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt675_E7_VE|1
ATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTCTGACCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt481_E7_VE|1
GACCTGTATTGTAATGAGCAAGCAATAGACAGCTCAGAGGAGGAGGACGAGAGGGATTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt915_E7_VE|1
CACCTTGACCTCGCTTGTACGCCTGTGTCGAGCAGAATGGCGTCCAGGGTCTCAGACAC
>HPV2_Alpha_9626032_nt590_E7_VE|1
ATTGTTGACCTACATTGCGACGAGCAATTTGACAGCTCAGAAGAAGAGAATAACCATCAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt743_E7_VE|1
CAACTACTAGCCAGACGGGAAGAACCACAGCGTCACAAAATACAGTGTATGTGTTGTAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt728_E7_VE|1
CTGTACTGAAAGAGCTTTGTTTATTTTGTCTGCGTGCTCCAGACAACTTCCCCGCAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt567_E7_VE|1
AAGGACATTGTTTTGTTTGACATACCAACGTGTGAGACACCCATTGACCTGTATTGCTAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt559_E7_VE|1
AGCTCAGAAGAGGAGGATAATAGGGAGGACGGTGAGCAACCTACAGAACCAGCACAGCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt657_E7_VE|1
CAAGCCAAACAGGACATACAGCGTTACAGAATACTGTGTGTGTGTACACAGTGTACAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt701_E7_VE|1
ATAGTTCTTGAAGAGCTTGTCCAGCCATTGACCTGCATTGCCACGAGGAGCTCACTGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt593_E7_VE|1
GGTCTACATTGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAAGACGAGGTGGACGAACAAGCCACG
>HPV32_Alpha_9627327_nt681_E7_VE|1
ATAAAACAGGACATACAACGTTACAGAATAGTGTGTGGTTGTACACAGTGTGGACGGTCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt590_E7_VE|1
CAGCCAGAGGTTGTTGACCTGTATTGTCACGAGCAATTTGCCAGCTCAGACGAGGAAGAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt529_E7_VE|1
GTTGACCTGCATTGTAACGAGCAATTTGCCAGCTCAGAAGAGGAGGATAATAGGGAGGAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt541_E7_VE|1
ATGCATGAGCAACAGCAACTGGCAGAACGAGCACAGCAGGCCTTTAGGGTGGTAACTACG
>HPV74_Alpha_27462483_nt460_E7_VE|1
ATTGTGTTACAGCTACAACCTGACCCTGTAGGCCTACTTTGCAATGAGCAATTAGACAGC
>HPV80_Beta_2911565_nt623_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGCTACTATACCAGATATAGAGCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCCAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt484_E7_VE|1
AGTTTATACTGTGACGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAGGAGGATAATGGGGATTGC
>HPV23_Beta_1020186_nt671_E7_VE|1
ATGATTGGGAAACAAGCTACTCTTCGTGATATAGTTCTTGAAGAGCTTGTCCAGCCCATT
>HPV70_Alpha_1173493_nt713_E7_VE|1
GAACCCGACCATGTAGTTAATCACCAACAACAACCTACTAGCCAGACGGGAAGAACCACAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt738_E7_VE|1
CTTCGTCAACTATTGCTTCAAGAAGTGTTCTTGACCTGTTTGAGGTGCTCCAGATCCCTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt611_E7_VE|1
ATTGACCTTACATGTTACGAGTCATTGGACAACCTCAGAGGATGAGGATGAAACAGACAGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt685_E7_VE|1
GAAACAGATAATGTGCGTAACCAGCAAGCCAGACAAGCTGAACAAGAAGCGTGTTATAGA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt635_E7_VE|1
CATCTACTACTAGCCAGACGGGACGAACAACAGCGTCACAGAATTCAGTGTCTGTGTTGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt612_E7_VE|1
ACTGACCTTACATGTTACGAGTCATTAGACAACCTCAGAGGATGAGGATGAAACAGACAGC
>HPV96_Beta_50253426_nt764_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGCAACTATACCAGACATAAAGCTGGAGCTGCAAGACCTTGTCTCTG

>HPV50_Gamma_9628550_nt638_E7_VE|1
TTCAAGATTGATTCTACGTGTAAGCATTGTCATTGTGTCGCTTAGACTGTGTTGTGTCGCC
>HPV65_Gamma_312100_nt582_E7_VE|1
CCTATAAACCTGCTGAGTGAGGAGGTCTTGCAACCTTCAGATGATGAGTCTGAGGCTCCA
>HPV21_Beta_1020170_nt947_E7_VE|1
CTGTTTGAAGAATTGCAGCTGTTGTGTCTTGAGTGCCGCGGAAACTGCAAACATGGCGGA
>HPV31_Alpha_333048_nt651_E7_VE|1
AGCTCAGATGAGGAGGATGTCATAGACAGTCCAGCTGGACAAGCAGAACCGGACACATCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt212_E7_VE|1
AGAAACTTTGAACAACAGCTGTGTGGAAACCTGGATATTGTGTGTCCAGCCTGTGCAAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt591_E7_VE|1
TATGTGTTAGATTTGCAACCTGAGGCAACTGACCTCCACTGTTATGAGCAATTACCCGAC
>HPV65_Gamma_312100_nt612_E7_VE|1
CAACCTTCAGATGATGAGTCTGAGGCTCCAGAGGAGGAGCTTTTTCTTTTAGAATAGAC
>HPV107_Beta_126131393_nt799_E7_VE|1
TTACCAGAGCTTCAGATGCTACTAGTGAAGAATCAGAGGAGGAGCCTGAACGCATCCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt623_E7_VE|1
GAGCGAGAACCTTTCCAAATAGATACCAGTTGCGCCTTCTGTGAAGCAGGTGTAAGGGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt709_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGTAACATATCCAGATAGTTCTGGAAGAGCTGCAAGAGCTTGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt668_E7_VE|1
CATTGTGCGCTTAGACTGTGTTGTGTGCGCCACCGACGCAGCTATCCGTGTGTTTGAGTGC
>HPV36_Beta_1020218_nt694_E7_VE|1
ATTGTTCTGGAGCTCAGTGAGGTGCAGCCTGAAGTACTACCAGTTGACCTGTTTTGTGAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt591_E7_VE|1
CCGACAACGTGCGACACACCGCGGTTGACCTGTATTGTTATGAACAATTTGACACCTCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt562_E7_VE|1
ATTGTATTAGACCTGCAACCTCCAGACCCTGTAGGGTTACATTGCTATGAGCAATTAGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt651_E7_VE|1
ATTCCGGTTGACCTTCTATGTACAGCAATTAAGCGACTCAGAGGAAGAAAACGATGAA
>HPV49_Beta_9627363_nt644_E7_VE|1
ATAATACTACAAGAAGAGTTTGGCCAGCCCATTGACCTGCAATGCTACGAGAATCTAACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt618_E7_VE|1
TCACCCGATGGTGATCCTGAGGAGGAGGAGCACTATCCCTATACAATAGACACCTGTTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt588_E7_VE|1
CCTGTGAGTCTTTTAGCTGATGAGGAGTTGTCACCCGATGGTGATCCTGAGGAGGAGGAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt639_E7_VE|1
CGTGAGCAACTTGTTGAACAAGCACAGCAGGCCTACAGGGTGGTTACTACCTGTGGCATT
>HPV93_Beta_37089393_nt762_E7_VE|1
TGCTTTCAGCAATTGCTAGTTAAGGAGTTGGATCTTCTGTGTCCTAACTGCCGAAACAGC
>HPV58_Alpha_222386_nt635_E7_VE|1
GACCTATTCTGCTATGAGCAATTATGTGACAGCTCAGACGAGGATGAAATAGGCTTGGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt212_E7_VE|1
TCTGTGGAACAACCTGCTGTGTGGAGACCTGGAATTGGTGTGTGCAAGCTGCATAAGAGCC
>HPV29_Alpha_1020210_nt645_E7_VE|1
GAACCAGCACAAACAGGCGTATAGGGTGGTAACTTTGTGTACAAAGTGTAGTACAACACTG
>HPV9_Beta_9627396_nt644_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGCTACTATACCAGAGGTGGTTCTAGAACTGCAAGAGCTTGTCCAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt592_E7_VE|1
GTAGGGTTACATTGCTATGAGCAATTAGTAGACAGCTCAGAAGATGAGGTGGACGAAGTG
>HPV17_Beta_396932_nt623_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGCTACAATACCAGATATAGTGCTTGAGCTGCAACAGCTTGTCCAG
>HPV94_Alpha_40804528_nt666_E7_VE|1
CCAAAGTGTTAGTTTACCAGTGCAGCTGGTGGTAGAGTGCAGCCACGCAGATATAAGGGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt713_E7_VE|1

ACGCTTCAGCAGCTTTTACTTGCAGAGATTTCATAAGTTGCCCTGGGTGTTCCAGGAAC
>HPV21_Beta_1020170_nt767_E7_VE|1
GAGGTACAACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAGTTACCGAGCGAGCAGCAGGAAACA
>HPV21_Beta_1020170_nt737_E7_VE|1
ATTGTTCTGGAGTTAAATGAATTGCAGCCTGAGGTACAACCAGTTGACCTGTTTTGTGAA
>HPV58_Alpha_222386_nt695_E7_VE|1
GGGCCAGATGGACAAGCACAACCGGCCACAGCTAATTACTACATTGTAACCTGTTGTTAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt741_E7_VE|1
CTACGAGTCGTGGAACAACCTTCTTCTGGAAGGGAAGGTGATATTTTGCTGTGTTGGGTGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt591_E7_VE|1
AGCTTAACCTGTAACGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAGGATGAGCGTGAGCAACCC
>HPV92_Beta_27531786_nt520_E7_VE|1
ATGATTGGGAAACAGGCTACTATACCAGATATTGTGCTGGATCTGCAAGACCTTGTCCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt650_E7_VE|1
AATAGGGTGGACGGTGAGCAACCCACAGAACCAGCACAGCAGGCATATAGGGTGGTTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt620_E7_VE|1
CCTCCTGATGACATAGAGGAGGAGTTAGTGTGCGCTCAGCAACCTTATGCTGTCGTTGCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt641_E7_VE|1
AACTCAGAGGATGAGGATGAAACAGACGCCATCTAGACAGACAAGCTGAACGAGAGTGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt654_E7_VE|1
AGCTCAGATGAGGAGGATGAAGTAGGCATGGACCGCCAGATGGACAAGCAAAACCAGAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt519_E7_VE|1
ATGCACGGTCCGCATCCACAGTAAAAGATATAGAATTGAGTCTTGCACCAGAGGACGTC
>HPV2_Alpha_9626032_nt620_E7_VE|1
GACAGCTCAGAAGAAGAGAATAACCATCAACTGACAGAACCAGATGTGCAGGCCTACGGG
>HPV110_Beta_186461194_nt595_E7_VE|1
ATGATTGGGAAACAAGCTACTATACCAGACATTGTTCTGGAATTGCAAGAGCTTGTTCAG
>HPV15_Beta_396924_nt623_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGCTACTATACCAGATATAGTGCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCCAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt603_E7_VE|1
GACCTACATTGCCACGAGCAATTGCTAGACAGCTCAGAGGAAGAGGTGGATGTGGATGAT
>HPV11_Alpha_333026_nt561_E7_VE|1
ATAGTACTAGACCTGCAGCCTCCTGACCCTGTAGGGTTACATTGCTATGAGCAATTAGAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt744_E7_VE|1
AACATCTGTGAGTGCACCTTTGCGTTTGTGCATTTCACAGTACAGCAGCAGACGTCCGAACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt122_E7_VE|2
CAGGATAAGTGTCCTTACCGGGTGGTGACAGATTGCAAGTATTGTGAGAAGTCATTGTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt608_E7_VE|1
GATGCTACTGCAGAGGAGGAGTTTTGTCCGTACCGGATAGACTCCAAGTGTCACAATTGT
>HPV20_Beta_1020162_nt758_E7_VE|1
GAGGTTCAACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAGTTACCGAACGAGCAGCAGGAGAGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt627_E7_VE|1
TCTGATGCAGAAGATGAGACAGCAGTAACACAACCTGACAAACAAGCATTTAAGGTGTTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt680_E7_VE|1
CCAGCACAGCAGGCATATAGGGTGGTTTCATACTGTGGTAGGTGCTGTCGTGCAGTTAGG
>HPV51_Alpha_333087_nt621_E7_VE|1
ATTGACTTGCAATGCTACGAGCAATTTGACAGCTCAGAGGAGGAGGATGAAGTAGATAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt774_E7_VE|1
ATTCACAGTACAGCAGCAGACGTCCGAACAATCCAGCAGATGCTTATGAACACACTAGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt593_E7_VE|1
TCATCTGATGAGGAGACCCAGGAGGAGGAGGAGCGAGAACCTTTCCAAATAGATACCAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt740_E7_VE|1
AGACAGCTGGAGGAACCTCTTCTGCGATCTTTGAACATCGTGTGCCCCACTGTGCACCCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt668_E7_VE|1
GGCTGTGTCATAAGGGTGACAGTCGCTGCAACTGAATTTGGAATACGTTGTTTTGAGCAA

>HPV83_Alpha_5059324_nt481_E7_VE|1
GACCTATATTGTAATGAACAAGGTATAGACAGCTCAGAGGAGGAGGATGATAGGGACTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt606_E7_VE|1
ATTGTTCTGGAAGTGAAGAGCTTGTCCAGCCATTGACCTGCATTGCTACGAAGAATTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt671_E7_VE|1
CATCTAGACAGACAAGCTGAACGAGAGTGTACAGAATAGTTACTGACTGCACGAAGTGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt625_E7_VE|1
ATTGACCTACAGTGTACGAACAATTGGACTATGAACAATTTGACAGCTCAGAGGAGGAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt683_E7_VE|1
GTTGATTTGCACTGTGAAGAGGAGTTGCCAGAGCAGGATACGGAGGTGGAGCCTGAAAGA
>HPV35_Alpha_333050_nt653_E7_VE|1
AGCTCAGAGGAGGAGGAAGATACTATTGACGGTCCAGCTGGACAAGCAAAACCAGACACC
>HPV27_Alpha_396964_nt660_E7_VE|1
CTGACAGAACCAGCTGTGCAGGCCTACGGGGTGGTAACAACCTGCTGCAAGTGCGGCAGA
>HPV42_Alpha_333211_nt627_E7_VE|1
GAACAATTGGACAGCTCAGATGAAGATGACCAAGCCAAACAGGACATACAGCGTTACAGA
>HPV93_Beta_37089393_nt552_E7_VE|1
ATGATTGGAAAAGAGGTCCTCTGCAAGACATTGTGTTAGGGTTGACACCACCAGAGCCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt624_E7_VE|1
GACCTATACTGCTATGAGCAATTGCATGACAGCTCAGATGAGGAGGATGAAGTAGGCATG
>HPV80_Beta_2911565_nt653_E7_VE|1
ATAGAGCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCCAGCCACTGACCTGCATTGCTACGAAGAGTTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt631_E7_VE|1
GTAGTATTGTCTGACGACGCACATCTAAGACATCTACAACAGCTGCTGCTGAATGACCTG
>HPV93_Beta_37089393_nt642_E7_VE|1
ACCGAGCAGGATACGGAGGAGGAGCCTGCAAGAACAGCTTTCAAGATTATTGTGTTCTGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt728_E7_VE|1
GAAGTGATAACAGTTGACCTGCTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAACAGGAAACGGAG
>HPV49_Beta_9627363_nt674_E7_VE|1
ATTGACCTGCAATGCTACGAGAATCTAACAGCTGAAGCGCCAGCTGAACAAGAGTTGGAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt828_E7_VE|1
AGTTCAGCAGCCGATCTACGAGATCTCCAGCAGCTGTTTTTGGGCACGCTATCATTTTTG
>HPV35_Alpha_333050_nt623_E7_VE|1
GACCTATACTGTTATGAGCAATTGTGTGACAGCTCAGAGGAGGAGGAAGATACTATTGAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt655_E7_VE|1
TATGAACAATTTGACAGCTCAGAGGAGGATGAAACAGATAATGTGCGTAACCAGCAAGCC
>HPV93_Beta_37089393_nt612_E7_VE|1
GTTGCATTGAATTGTGAAGAGGAGTTACCAACCGAGCAGGATACGGAGGAGGAGCCTGCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt582_E7_VE|1
CCAGCAAACCTGCTGAGTGAGGAGGTCTTGCAATCTTCAGATGATGAGTATGAGATTACA
>HPV22_Beta_1020178_nt644_E7_VE|1
ATGATTGGGAAACAAGCTACTCTGTGTGATATAGTTCTTGAAGAGCTTGTCCTGCCCATT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt484_E7_VE|1
AACCTACATTGTGACGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAGGAGGATAATAGGGATTGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt555_E7_VE|1
ATTGAATTGGATCTTGCACCAGAGGCCGTCCCTTTACTATGCAATGAGCAATTAGACAGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt531_E7_VE|1
ATGCGTGGAACGCACCAACGCTAAAGGACATTATTTGTATGACCTGCCAACGTGTGAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt601_E7_VE|1
TGTGGTGTGCTATCGTGCAGTTAGGTAGTAGTATTGTCTGACGACGCACATCTAAGA
>HPV81_Alpha_40804509_nt663_E7_VE|1
AGGGACAGTGGTGAGCAACTAGTAGAACAAGCACAGCAGGCCTATAGGGTGGTTACTACG
>HPV52_Alpha_397038_nt644_E7_VE|1
AGCTCAGATGAGGAGGATACAGATGGTGTGGACCGCCAGATGGACAAGCAGAACAAGCC
>HPV110_Beta_186461194_nt625_E7_VE|1

ATTGTTCTGGAATTGCAAGAGCTTGTTCAGCCCACTGCTGACCTGCATTGCTACGAGGAG
>HPV19_Beta_396940_nt751_E7_VE|1
GAGGTACAACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAGTTACCGACCGAACAGCAGGAAACA
>HPV55_Alpha_1020266_nt591_E7_VE|1
GTAGGCCTACATTGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAGGATGAGGTGGATGAACTAGCC
>HPV59_Alpha_557236_nt633_E7_VE|1
TTACCTGACTCCGACTCCGAGAATGAAAAAGATGAACCAGATGGAGTTAATCATCCTTTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt677_E7_VE|1
GAAACAGATAATATGCGTGACCAGCAGGCCAGACAAGCTGGACAAGAAGTGTGTTACAGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt561_E7_VE|1
TATGTGCTAACTATGCAACCAGAACCTAGAAGCTTAACCTGTAACGAGCAATTAGACAGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt563_E7_VE|1
ATTGTTTTAGACCTGACTCCTGACCCTGTAGGTCTACATTGCAATGAGCAATTAGACAGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt717_E7_VE|1
GTACGGCTATGTGTGTATAGCACGCACACAGGCATAAGGGTACTGCAGGAAGTGCCTTCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt710_E7_VE|1
TTGACCGTCTCGCGGATCACAGCGCCATTAGACAGCTGGAGGAACTCCTTCTGCGATCT
>HPV37_Beta_1020226_nt623_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGCTACAATACCAGAAATAGTGCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCCAG
>HPV92_Beta_27531786_nt580_E7_VE|1
CCCATTGACCTGCATTGTGACGAAGACTTGTTCAGAAAATCAGGAGGAGGAGCCTGCACCT
>HPV107_Beta_126131393_nt739_E7_VE|1
ATAGTTCTGGAAGAGCTGCAAGAGCTTGCTCAGCCATTGACCTGCATTGTTACGAAGAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt511_E7_VE|1
AGCTCAGAGGAGGAGGATGATAGGGACTGTGGCGTGCGTGACCAACTGGCAGAACAAGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt769_E7_VE|1
CAGCCCATTTGACCTGCATTGTTACGAAGAGTTACCAGAGCTTCCAGATGCTACTAGTGAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt622_E7_VE|1
GACAGCTCAGAAGATGAGGTGGACGAAGTGGACGGACAAGATTCAACCTTTAAAACAA
>HPV27_Alpha_396964_nt630_E7_VE|1
GACAGCTCAGAAGAAGAGAATAACCATCAACTGACAGAACCAGCTGTGCAGGCCTACGGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt626_E7_VE|1
ATTGACTTGCAATGCTACGAGCAATTTGACAGCTCAGACGAGGAGGATGAAGTAGATAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt454_E7_VE|1
ATATTTCTAGAGCTGGATCAGCCTGATGCGGTTGACCTACATTGTAACGAGCAATTAGCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt648_E7_VE|1
CACTATCCCTATACAATAGACACCTGTTGCAAACCTTGTGGAGCAGGTGTTAGATTTACT
>HPV76_Beta_2911551_nt644_E7_VE|1
ATTGTGCTACAAGAAGAGTTTGGCCAGCCCATTGACCTGCAATGCTACGAGAACTTACCA
>HPV76_Beta_2911551_nt674_E7_VE|1
ATTGACCTGCAATGCTACGAGAACTTACCAGCTGAAGTGCCAGCTGAACAAGACACAGAG
>HPV8_Beta_333074_nt714_E7_VE|1
GAAGTGTTACCAGTTGACCTGCTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAACAGGAAACGGAG
>HPV28_Alpha_1020202_nt669_E7_VE|1
CCAAAGTGTAGTTCACCACTGCGACTGGTGGTAGAGTGCAGCCACGCAGATATAAGGGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt735_E7_VE|1
TCTACTCTTACGCGTCTGGAGGAGCTGCTGTTAGGCTCACTGAGGATCGTGTGTCCCCTG
>HPV35_Alpha_333050_nt683_E7_VE|1
GGTCCAGCTGGACAAGCAAACAGACACCTCCAATTATAATATTGTAACGTCCTGTTGT
>HPV47_Beta_333062_nt699_E7_VE|1
ATTGTTCTGGAGTTAAGTGAGGTTCAACCTGAAGTATTACCAGTTGACCTGTTTTGCGAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt484_E7_VE|1
GTTGACCTACATTGTAACGAGCAATTAGCCAGCTCAGAAGAGGAGGATAATAGGGAGGAC
>HPV2_Alpha_9626032_nt650_E7_VE|1
CTGACAGAACCAGATGTGCAGGCCTACGGGGTGGTAACTACCTGCTGTAAGTGTGGCAGA

>HPV102_Alpha_71726718_nt571_E7_VE|1
CAGGCCTATAGGGTGGTAACAAAGTGTGGTATGTGTGGCCAGTCACTGAGACTGGCAGTG
>HPV51_Alpha_333087_nt651_E7_VE|1
AGCTCAGAGGAGGAGGATGAAGTAGATAATATGCGTGACCAGCTACCAGAAAGACGGGGCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt454_E7_VE|1
ATTGTCTCTACAAGAGCGTCCCGATGTGGTTGACCTACATTGCCACGAGCAATTGTTAGAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt607_E7_VE|1
GAAACAGATGATGTTAATCATCGACAACCTACCAGCCCCGACGAGCTGAACCACAGCGTCAC
>HPV47_Beta_333062_nt669_E7_VE|1
ATGATTGGTAAAGAGGTCACCGTGCGAGATATTGTTCTGGAGTTAAGTGAGGTTCAACCT
>HPV94_Alpha_40804528_nt606_E7_VE|1
GAAGATTATACAGATGTGGTGGAAACCAGCACAAACAAGCGTATAGGGTGGTAACAGTATGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt773_E7_VE|1
AGCACACACGTAGACATTCGTACTTTGGAAGACCTGTTAATGGGCACACTAGGAATTGTG
>HPV58_Alpha_222386_nt665_E7_VE|1
AGCTCAGACGAGGATGAAATAGGCTTGGACGGGCCAGATGGACAAGCACAACCGGCCACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt698_E7_VE|1
ACCGACGCAGCTATCCGTGTGTTTGAGTGCCTTCTTCAATCAGAATTTTCTTTTCTGTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt768_E7_VE|1
CGTCACACTATTTGCTGCGTGTGTTGTAAATGTGAGGCCAGTCTGCAGTTAGTGGTGGAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt771_E7_VE|1
GACATACAACAGCTGCATCAGATGCTTCTGGACACACTGGGCATTGTGTGTCCATTGTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt621_E7_VE|1
GACCTCCACTGTTATGAGCAATTACCCGACAGCTCAGATGAGGAGGATGTCATAGACAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt741_E7_VE|1
GCCCCGACGAGCCGAACCACAACGTCACACAATGTTGTGTATGTGTTGTAAGTGTGAAGCC
>HPV76_Beta_2911551_nt614_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAGGCTACATTACCTGACATTGTGCTACAAGAAGAGTTTGGCCAGCCC
>HPV74_Alpha_27462483_nt490_E7_VE|1
GGCCTACTTTGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAAGAGGAGGTGGATGAACTAGCCACG
>HPV26_Alpha_9627305_nt647_E7_VE|1
TATGAACAATTTGACAGCTCAGATGAGGATGAAACAGATAATATGCGTGACCAGCAGGCC
>HPV59_Alpha_557236_nt693_E7_VE|1
CTACTAGCTAGACGAGCTGAACCACAGCGTCACAACATTGTGTGTGTGTGTTGTAAGTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt636_E7_VE|1
CCCATTGACCTGCATTGCTACGAAGAATTACCAGAGCTTCCAGATGTTCCCTAGTGAAGAT
>HPV12_Beta_396910_nt724_E7_VE|1
GAAGTGTTACCAGTTGACCTGCTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAGCAGGAAACGGAG
>HPV110_Beta_186461194_nt685_E7_VE|1
TTAACTGAAGAAGAAACAGAGGAGGAGTCACGTCCATACACCTTACAAGATTGTTGCTGCT
>HPV35_Alpha_333050_nt743_E7_VE|1
AAATGTGAGGCGACACTACGTCTGTGTGTACAGAGCACACACATTGACATACGTAAATTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt683_E7_VE|1
CCAGCTGGACAAGCAGAACCGGACAGAGCCATTACAATATTGTAACCTTTTGTGCAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt645_E7_VE|1
GAGGAGGAGGAGTCTGAATATCCATATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt638_E7_VE|1
TACCGGATAGACTCCAAGTGTCACAATTGTGGCTGTGCGATAAGGGTGACAGTCGCTGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt657_E7_VE|1
CAACCTGACAAACAAGCATTTAAGGTGTTAAGCCAGTGTGGAGGTGTGTGTTGTAAGACA
>HPV41_Nu_9626041_nt885_E7_VE|1
CGGAATCTACAGGCACTCCTGGTCAACAGTCACCTTGACCTCGCTTGTACGCCTGTGTGTC
>HPV15_Beta_396924_nt653_E7_VE|1
ATAGTGCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCCAGCCCACTGACCTGCATTGCTACGAAGAGTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt738_E7_VE|1

CCAGCCCCGACGAGCCGAACACAGCGTCACAAAATTTTGTGTGTATGTTGTAAGTGTGAC
>HPV63_Mu_9626605_nt615_E7_VE|1
GATCTAAATTGTTATGAGGATATACCTGCTGAGGAGGAGGAGTCTGAATATCCATATGCA
>HPV45_Alpha_397022_nt708_E7_VE|1
GAAGCAGATGGAGTTAGTCATGCACAACCTACCAGCCCCGACGAGCCGAACACAGCGTCAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt713_E7_VE|1
GAGCAGGATACGAGGTGGAGCCTGAAAGAAGAGCTTACAAAATAATACTTTGTTGCGGC
>HPV44_Alpha_1020242_nt594_E7_VE|1
GTAGGCCTACATTGCAATGAGCAATTAGACAGCTCAGAAGATGAGGTGGATGAACTAGCC
>HPV36_Beta_1020218_nt724_E7_VE|1
GAAGTACTACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAGGATACGGAGGAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt621_E7_VE|1
TCAGACTCAGAGGATGAGCGTGAGCAACCCACGCAACAGGACCAGCAAGTGAATCTACAA
>HPV75_Beta_2911544_nt644_E7_VE|1
ATTGTGTCTACAAGAAGAGTTTGGCCAGCCCATTGACCTGCAATGCTACGAGGATTTAGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt747_E7_VE|1
GGCATAAGGGTACTGCAGGAAGTCTTCATCAGGACGCACTGCAAATAGTGTGTCCCACC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt544_E7_VE|1
GACCAACCTGCAGAACGACAGCTGGCCTATAGGGTGTAAACAGAATGTGGGTGTGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt152_E7_VE|1
GATTGCAAGTATTGTGAGAAGTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGGCATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt522_E7_VE|1
ATGAGAGGAGCAGCGCCACGGTTGCAGATCTTAATTTAGAACTAAATGACTTAGTGTTA
>HPV39_Alpha_333245_nt653_E7_VE|1
ATACAGCCGGTTGACCTTGTATGTCACGAGCAATTAGGAGAGTCAGAGGATGAAATAGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt561_E7_VE|1
GTTGATTTAAACCTCCATGAGTTAGTTGTTCTGCAAATTTGCTGAGCGATGAGGTCTTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt667_E7_VE|1
AGTTTAACTGTGACGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAGGATGAGCGTGAGCAATCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt62_E7_VE|1
CCTGCAAACCTTATTATGTGATGAATTAGTAACCGAGGAGGAGGAGCAGCAGGACGAGCAA
>HPV37_Beta_1020226_nt683_E7_VE|1
CCCCTGCTGACCTGCATTGTTACGAAGAGTTGAGTGAAGAAGAGACAGAGGAGGAGCGT
>HPV33_Alpha_333049_nt694_E7_VE|1
CCAGATGGACAAGCACACCAGCCACAGCTGATTACTACATTGTAACCTGTTGTCACACT
>HPV38_Beta_1020234_nt653_E7_VE|1
ATAGTTCTTGAAGAGCTTGTCCAGCCATTGACCTGCATTGCCACGAGGAGTTGCCTGAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt741_E7_VE|1
GTTAAACTTGTGTGTCAGTAGTACAGGCGCGGACATACAACAGCTGCATCAGATGCTTCTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt617_E7_VE|1
ATTGACCTACGCTGCTACGAACAATTGGACTATGAACAATTTGACAGCTCAGATGAGGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt711_E7_VE|1
AGAATCACTTTGTATGCTGTTGCATTTGGACTACGAGTCGTGGAACAACCTTCTTCTGGAA
>HPV39_Alpha_333245_nt743_E7_VE|1
CAACTACTAGCCAGACGGGATGAACCACAGCGTCACACAATACAGTGTTTCGTGTTGTAAG
>HPV33_Alpha_333049_nt664_E7_VE|1
AGCTCAGATGAGGATGAAGGCTTGGACCGGCCAGATGGACAAGCACACCAGCCACAGCT
>HPV96_Beta_50253426_nt794_E7_VE|1
ATAAAGCTGGAGCTGCAAGACCTTGTCCTGCCCATTTGACCTGCATTGTGACGAAGAGTTG
>HPV96_Beta_50253426_nt824_E7_VE|1
CCCATTGACCTGCATTGTGACGAAGAGTTGACAGAAGAGCAGTCAGAAAACCTGTCAGAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt481_E7_VE|1
AGCCTACAATGTGAGGAAGAAATGCTAGACAGCTCAGATGAGGAAGATGCTAGGGATTGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt92_E7_VE|1
ACCGAGGAGGAGGAGCAGCAGGACGAGCAAGCTTTAAGCCCTTATAGAATTGTGACAGAT

>HPV102_Alpha_71726718_nt541_E7_VE|1
GTGCGTGACCAACTGGCAGAACAAGCAAAGCAGGCCTATAGGGTGGTAACAAAGTGTGGT
>HPV52_Alpha_397038_nt764_E7_VE|1
ATTCATAGCACTGCGACGGACCTTCGTACTCTACAGCAAATGCTGTTGGGCACATTACAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt738_E7_VE|1
CCACTACTAGCCAGACGAGAAGAACTACAGCGTCACACTATTTGCTGCGTGTGTTGTAAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt675_E7_VE|1
AAGTGTAGTTTACCCTGCGACTGGTGGTAGAGTGCAGCCACGCAGATATAAGGGCACTG
>HPV94_Alpha_40804528_nt516_E7_VE|1
ATGCACGGTCCGCATCCACAGTAAAAGATATAGAATTGAGTCTTGCACCAGAGGACATC
>HPV37_Beta_1020226_nt653_E7_VE|1
ATAGTGCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCAGCCCACTGCTGACCTGCATTGTTACGAAGAG
>HPV33_Alpha_333049_nt634_E7_VE|1
GACCTATACTGCTATGAGCAATTAAGTGACAGCTCAGATGAGGATGAAGGCTTGGACCGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt518_E7_VE|1
ATGAGGGGAGATAAGGCTACTATTCCCTGACATAGAGTTAGAAGAGCTTGTTTTGCCTGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt680_E7_VE|1
TCCTGTGCCTATTGCGAGAACTGGTTGCGATTGACCGTCCTCGCGGATCACAGCGCCATT
>HPV42_Alpha_333211_nt597_E7_VE|1
TGTGAGACACCCATTGACCTGTATTGCTATGAACAATTGGACAGCTCAGATGAAGATGAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt648_E7_VE|1
GTGCGTGACCAACCTGCAGAACCAGCACAGCTGGCCCATAGGGTGTAAACAGAGTGTGGG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt743_E7_VE|1
AGAGCTTACAAAATAATACTTTGTTGCGCGCGGTTGTGGAACCCGGCTTCGATTATTT
>HPV52_Alpha_397038_nt614_E7_VE|1
GACCTACACTGCTATGAGCAATTAGGTGACAGCTCAGATGAGGAGGATACAGATGGTGTG
>HPV110_Beta_186461194_nt655_E7_VE|1
CCCACTGCTGACCTGCATTGCTACGAGGAGTTAACTGAAGAAGAAACAGAGGAGGAGTCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt798_E7_VE|1
TGTGAGGCCAGTCTGCAGTTAGTGGTGGAAAGTTCAGCAGCCGATCTACGAGATCTCCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt182_E7_VE|1
CATGTACTAGCTACGGACGGGGCAATAAGGTCTGTGGAACAACCTGCTGTGTGGAGACCTG
>HPV111_Beta_186461202_nt609_E7_VE|1
GTAGTTCTTGAGCTGCAAGAGCTTGTCACCAACCACTGACCTGCATTGCTACGAAGAATTG
>HPV40_Alpha_397014_nt558_E7_VE|1
ATTGTGTTAAACCTGCACCCTGAACCTGTATGTCTAAACTGCAACGAGCAATTAGACAGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt579_E7_VE|1
GACCTACATTGCAATGAGCAGTTATTAGACAGCTCAGAGTCAGAGGAGGAGGATAGTGTG
>HPV40_Alpha_397014_nt648_E7_VE|1
CAACTAGACAGCTTACACAGTAGAGAGCGTGAGCAACCCACGCAACAGGACCTGCAAGTA
>HPV40_Alpha_397014_nt588_E7_VE|1
TGTCTAAACTGCAACGAGCAATTAGACAGCTCAGACTCAGAAGATGACCATGAACAGGAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt684_E7_VE|1
GACCGGCCAGATGGACAAGCAAAACCAGATACAACCAATTACCATATTGTTACTGTGTGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt755_E7_VE|1
CAACAGCTGTTTATGGACTCACTAAATTTGTGTGTCCGTGGTGTGCAACTGAAACCCAG
>HPV11_Alpha_333026_nt591_E7_VE|1
GTAGGGTTACATTGCTATGAGCAATTAGAAGACAGCTCAGAAGATGAGGTGGACAAGGTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt708_E7_VE|1
GAACCAGATAATGCAATTAATCACCGACAACCCTACTAGCCAGACGAGAAGAACTACAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt618_E7_VE|1
AGCTCAGAGGAGGAGACAATAGGGATTGTGTGCGTGACCAACCTGCAGAACCAGCACAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt687_E7_VE|1
AGCCAGTGTGGAGGTGTGTGTTGTAAGACAGTACGGCTATGTGTGTATAGCACGCACACA
>HPV1_Mu_9626063_nt650_E7_VE|1

TCGCCTCAGCAACCTTATGCTGTCGTTGCTTCCTGTGCCTATTGCGAGAACTGGTTCGA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt484_E7_VE|1
GACCTACATTGCCACGAGCAATTGTTAGACAGCTCAGAGGAAGAGGTGGATGATAGGGAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt545_E7_VE|1
ATACAGCCGGTTGACCTTGTATGTCACGAGCAATTAGGAGATTCAGACGATGAAATAGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt576_E7_VE|1
ATGATTGGGAAAGAAGTTACTATTCCAGATATTGTTCTGGAAGCTTGTCCAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt653_E7_VE|1
AGCTCAGAGGAGGAGGATGAAATAGATGGTCCAGCTGGACAAGCAGAACCGGACAGAGCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt698_E7_VE|1
TTTATTTTGGAGCTTAGTGAGGTGCAGCCTGAAGTGATACCAGTTGACCTGCTTTGTGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt623_E7_VE|1
ATGATTGGAAAAGAGGTCACCTCTACAAGACATTGTCTTAGAGTTGACTGAGCCACAGACT
>HPV41_Nu_9626041_nt795_E7_VE|1
CCCAGGAGAACATTATACCTGGTAGAGAGTCAGTGTCCATTTTGCCAGGCTATCATACGA
>HPV47_Beta_333062_nt729_E7_VE|1
GAAGTATTACCACTTGACCTGTTTTGCGACGAGGAATTACCAAATGAACAACAGGCGGAG
>HPV31_Alpha_333048_nt681_E7_VE|1
CCAGCTGGACAAGCAGAACCGGACACATCCAATTACAATATCGTTACCTTTTGTGTGTCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt855_E7_VE|1
TTTGTATGCGTAGCAAGCAACACTGGGATACGGAATCTACAGGCACTCCTGGTCAACAGT
>HPV59_Alpha_557236_nt783_E7_VE|1
TCGCAAGACGGATTGCGAGCCTTACAGCAGCTGTTTATGGACACACTATCCTTTGTGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt242_E7_VE|1
CTGGATATTGTGTGTCCAGCCTGTGCAAAGCAACGCCAGCGAAATGGAGGACAAAGACAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt693_E7_VE|1
GCACAGCAGGCCTATAGGGTGGTTACTACGTGTGGTATTTGTAGGTGTTTAGTTAGGCTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt571_E7_VE|1
GCACAGCAGGCCTTTAGGGTGGTAACTACGTGTGGTGTGTGCTATCGTGCAGTTAGGTTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt558_E7_VE|1
ATCGTGTTAGACTTGCAACCCGAACCAAGTAAGTTTAAGTTGCAACGAGCAATTAGACAGC
>HPV25_Beta_396948_nt736_E7_VE|1
GAGGTACAACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAGTTGCCGGCTGAGCATCAGGAAACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt637_E7_VE|1
CCAGCCCCGACGAGCTGAACCACAGCGTCACACAATTGTGTGTATGTGTTGTAAATGTGAG
>HPV52_Alpha_397038_nt674_E7_VE|1
GACCGGCCAGATGGACAAGCAGAACAAGCCACAAGCAATTACTACATTGTGACATATTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt747_E7_VE|1
GCGGACATAAGAAACCTGCAACAGATGCTTTTGGGCACACTGGATATTGTGTGTCCTTTG
>HPV22_Beta_1020178_nt674_E7_VE|1
ATAGTTCTTGAAGAGCTTGTCCTGCCCATTGACCTGCATTGCCACGAGGAGCTGCCTGAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt544_E7_VE|1
TTGCGTGACCAACCTGCAAAACCAGCACAGCTGGCCTATAGGGTGGTAAACAGAGTGTGGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt575_E7_VE|1
CAATTAGGAGATTCAGACGATGAAATAGATGAACCCGACCATGCAGTTAATCACCACCAA
>HPV35_Alpha_333050_nt593_E7_VE|1
TATGTTTTAGATTTGGAACCCGAGGCAACTGACCTATACTGTTATGAGCAATTGTGTGAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt675_E7_VE|1
GAACAAGCACAGCAGGCCCTACGGGTGGTTACTACCTGTGGCAGGTGCTACCGTCCAGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt705_E7_VE|1
CTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTTCTGACCTGTCTACTCTTACGCGTCTGGAGGAGCTGCTG
>HPV7_Alpha_9627389_nt798_E7_VE|1
CAGGTTTCATCAGTTGCTGATGGGCACACTAAATATAGTGTGCCCCAACTGTGCAGCTACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt642_E7_VE|1
GAGGAGGAGTCGGTGGTTCCATTTAGAAATAGACACCTGTTGCTATAGATGTGAAGTTGCT

>HPV5_Beta_9627145_nt724_E7_VE|1
GAAGTGCTACCAGTTGACCTGTTTTGTGAAGAGGAATTACCAAACGAGCAGGAAACGGAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt833_E7_VE|1
CTGCAAGACTTACTGCTAGAAGAGGTGGTCATTTTGTGTCCCGACTGCCGTAACAGCGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt558_E7_VE|1
CTTGATGTAAATTTGGAGGAGTTGGTTTTACCTGTCTAGTCTTTTAGCTGATGAGGAGTTG
>HPV65_Gamma_312100_nt522_E7_VE|1
ATGAGAGGAGCAGCACCCAGGGTTGCAGATCTTAATTTAGAATTAAATGACTTGGTGTG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt588_E7_VE_rc|1
ACAATCCCTATTGTCCTCCTCTCTGAGCTGTCTAACAATTGCTCGTCACAATGTAGGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt683_E7_VE_rc|1
AATCTCTGCAAGTAAAAGCTGCTGAAGCGTGCGAATTCGGGCTGGTGAAGCTAGAACAAA
>HPV36_Beta_1020218_nt664_E7_VE_rc|1
AGGCTGCACCTCACTGAGCTCCAGAACAAATATCTTGCACGGTGACCTCTTTACCAATCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt550_E7_VE_rc|1
CAAGTCTTCGTCACAATGCAGGTCAATGGGCTGGACAAGGTCTTGCAGATCCAGCACAAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt663_E7_VE_rc|1
ACGCTGTGGTTCAGCTCGTCTAGCTAGTAGCAAAGGATGATTAACCTCCATCTGGTTCATC
>HPV82_Alpha_6970427_nt596_E7_VE_rc|1
GTCAAATTGCTCGTAGCATTGCAAGTCAATTTTCAGGTTGTGGTGTAACTCCAACACTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt704_E7_VE_rc|1
GCATAGCCGTAGTGTGCTATCACAACCTGTGACAATATGTCACAATGTAGTAATTGCTTGT
>HPV17_Beta_396932_nt653_E7_VE_rc|1
TAACTCTTCGTAGCAATGCAGGTCAAGTGGGCTGGACAAGCTGTTGCAGCTCAAGCACTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt653_E7_VE_rc|1
GCGAATTCCGGCTGGTGAAGCTAGAACAAATACCCTTACACCTGCTTCACAGAAGGCGCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt732_E7_VE_rc|1
AGCGGTGCAGCAAAACGTCAGCTTTCTCTTCTACAAGAAGTTGTTCCAAGGTCCGTAGTCC
>HPV93_Beta_37089393_nt732_E7_VE_rc|1
CAACTCCTTAAGTAGCAATTGCTGAAAGCAACGAACCTCCAAATTCTGTGGCAGCAACAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt825_E7_VE_rc|1
TATCCCAGTGTTGCTTGCTACGCATACAAATCGTATGATAGCCTGGCAAAATGGACACTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt582_E7_VE_rc|1
GTCTAATGACTCGTAACATGTAAGGTCAGTCTCGGTCGTTGGTTTCAGATCTAACACAAT
>HPV58_Alpha_222386_nt725_E7_VE_rc|1
GATACACAAACGAACCGTGGTGCCACAAGTGTAAACAACAAGTTACAATGTAGTAATTAGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt623_E7_VE_rc|1
ACCATCTATTTTCATCCTCCTCTCTGAGCTGTCATTTAATTGCTCATAACAGTAGAGATC
>HPV47_Beta_333062_nt819_E7_VE_rc|1
GTTTCAAAAAATGCGAAGCTTGACCTCGCAGCAGCTGCAACCGCACGGTGCAATCACTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt591_E7_VE_rc|1
TCTTTCTTCATCCTCCTCCTCAGAGAGTTGCAAGACCTCATCGCTCAGCAAATTTGCAGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt541_E7_VE_rc|1
ACACACTGTTAACACCCTATAGGCCTGCTTTGCTTGTCTGCCAGTTGGTCACGCACGCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt588_E7_VE_rc|1
GTCTTGTTTCATGGTCATCTTCTGAGTCTGAGCTGTCTAATTGCTCGTTGCAACTTAACT
>HPV59_Alpha_557236_nt753_E7_VE_rc|1
CTGCTGTAAGGCTCGCAATCCGTCTTGCGAGGTTTCTACTACTAGCTGAAGTTGATTATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt656_E7_VE_rc|1
TCCAGCTTGTCTGGCTGGCTGGTCACGCATATTATCTACTTCATCCTCCTCGTCTGAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt182_E7_VE_rc|1
GTTTCCACACAGCTGTTGTTCAAAGTTTCTAATGCCCTCCTCCGTGGCTACCACATACAT
>HPV63_Mu_9626605_nt675_E7_VE_rc|1
CAGGTCAGAAACGCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAAAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt481_E7_VE_rc|1

ACAATCCCTCTCGTCCTCCTCTCTGAGCTGTCTATTGCTTGCTCATTACAATACAGGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt915_E7_VE_rc|1
GTGTCTGAGACCCTGGACGCCATTCTGCTCGACACAGGCGTGACAAGCGAGGTCAAGGTG
>HPV2_Alpha_9626032_nt590_E7_VE_rc|1
TTGATGGTTATTCTCTTCTTCTGAGCTGTCAAATTGCTCGTCGCAATGTAGGTCAACAAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt743_E7_VE_rc|1
CTTACAACACATACACTGTATTTTGTGACGCTGTGGTTCTTCCCGTCTGGCTAGTAGTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt728_E7_VE_rc|1
ATTGCGGGGAAGTTGTCTGGAGCACGCAGGACAAAATAAACAAAGCTCTTTCAGTAACAG
>HPV42_Alpha_333211_nt567_E7_VE_rc|1
ATAGCAATACAGGTCAATGGGTGTCTCACACGTTGGTATGTCAAACAAAACAATGTCCTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt559_E7_VE_rc|1
CTGCTGTGCTGGTTCTGTAGGTTGCTCACCGTCTCCCTATTATCCTCCTCTTCTGAGCT
>HPV42_Alpha_333211_nt657_E7_VE_rc|1
CTTGTAACACTGTGTACACACACACAGTATTCTGTAACGCTGTATGTCCTGTTTGGCTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt701_E7_VE_rc|1
TTCAGTGAGCTCCTCGTGGCAATGCAGGTCAATGGGCTGGACAAGCTCTTCAAGAACTAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt593_E7_VE_rc|1
CGTGGCTGTTCGTCCACCTCGTCTTCTGAGCTGTCTAATTGCTCATTGCAATGTAGACC
>HPV32_Alpha_9627327_nt681_E7_VE_rc|1
TGACCGTCCACACTGTGTACAACCACACACTATTCTGTAACGTTGTATGTCCTGTTTTAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt590_E7_VE_rc|1
ATCTTCCTCGTCTGAGCTGGCAAATTGCTCGTGACAATACAGGTCAACAACCTCTGGCTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt529_E7_VE_rc|1
GTCCTCCCTATTATCCTCCTCTTCTGAGCTGGCAAATTGCTCGTTACAATGCAGGTCAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt541_E7_VE_rc|1
CGTAGTTACCACCCTAAAGGCCTGCTGTGCTCGTTCTGCCAGTTGCTGTTGCTCATGCAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt460_E7_VE_rc|1
GCTGTCTAATTGCTCATTGCAAAGTAGGCCCTACAGGGTCAGGTTGTAGCTGTAACACAAT
>HPV80_Beta_2911565_nt623_E7_VE_rc|1
CTGGACAAGCTCTTGCAGCTCAAGCTCTATATCTGGTATAGTAGCTTCTTCCCAATCAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt484_E7_VE_rc|1
GCAATCCCCATTATCCTCCTCCTCTGAGCTGTCTAACAATTGCTCGTCACAGTATAAACT
>HPV23_Beta_1020186_nt671_E7_VE_rc|1
AATGGGCTGGACAAGCTCTTCAAGAACTATATCACGAAGAGTAGCTTGTTTCCCAATCAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt713_E7_VE_rc|1
CTGTGGTTCTTCCCGTCTGGCTAGTAGTTGTTGTTGGTGATTAACTACATGGTCGGGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt738_E7_VE_rc|1
AAGGGATCTGGAGCACCTCAAACAGGTCAAGAACACTTCTTGAAGCAATAGTTGACGAAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt611_E7_VE_rc|1
GCTGTCTGTTTCATCCTCATCCTCTGAGTTGTCCAATGACTCGTAACATGTAAGGTCAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt685_E7_VE_rc|1
TCTATAACACGCTTCTTGTTTCAGCTTGTCTGGCTTGCTGGTTACGCACATTATCTGTTTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt635_E7_VE_rc|1
ACAACACAGACACTGAATTCTGTGACGCTGTTGTTTCGTCCCGTCTGGCTAGTAGTAGATG
>HPV34_Alpha_9627334_nt612_E7_VE_rc|1
GCTGTCTGTTTCATCCTCATCCTCTGAGTTGTCTAATGACTCGTAACATGTAAGGTCAAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt764_E7_VE_rc|1
CAGGACAAGGTCTTGCAGCTCCAGCTTTATGTCTGGTATAGTTGCTTCTTCCCAATCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt638_E7_VE_rc|1
GGCGACACAACACAGTCTAACGCGACAATGACAATGCTTACACGTAGAATCAATCTTGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt582_E7_VE_rc|1
TGGAGCCTCAGACTCATCATCTGAAGGTTGCAAGACCTCCTCACTCAGCAGGTTTATAGG
>HPV21_Beta_1020170_nt947_E7_VE_rc|1
TCCGCCATGTTTGCAGTTTCCGCGGCACTCAGGACACAACAGCTGCAATTCTTCAAACAG

>HPV31_Alpha_333048_nt651_E7_VE_rc|1
GGATGTGTCCGGTCTGCTTGTCCAGCTGGACTGTCTATGACATCCTCCTCATCTGAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt212_E7_VE_rc|1
CTTTGCACAGGCTGGACACACAATATCCAGGTTTCCACACAGCTGTTGTTCAAAGTTTCT
>HPV31_Alpha_333048_nt591_E7_VE_rc|1
GTCGGGTAATTGCTCATAACAGTGGAGGTCAGTTGCCTCAGGTTGCAAATCTAACACATA
>HPV65_Gamma_312100_nt612_E7_VE_rc|1
GTCTATTCTAAAAGGAAAAAGCTCCTCCTCTGGAGCCTCAGACTCATCATCTGAAGGTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt799_E7_VE_rc|1
AGGGATGCGTTCAGGCTCCTCCTCTGATTCTTCACTAGTAGCATCTGGAAGCTCTGGTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt623_E7_VE_rc|1
TACCCTTACACCTGCTTCACAGAAGGCGCAACTGGTATCTATTTGGAAAGGTTCTCGCTC
>HPV107_Beta_126131393_nt709_E7_VE_rc|1
AGCAAGCTCTTGCAGCTCTTCCAGAACTATATCTGGAATAGTTACTTCTTTCCCAATCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt668_E7_VE_rc|1
GCACTCAAACACACGGATAGCTGCGTCGGTGGCGACACAACACAGTCTAACGCGACAATG
>HPV36_Beta_1020218_nt694_E7_VE_rc|1
TTCACAAAACAGGTCAACTGGTAGTACTTCAGGCTGCACCTCACTGAGCTCCAGAACAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt591_E7_VE_rc|1
TGAGGTGTCAAATTGTTTCATAACAATACAGGTCAACCGGCGGTGTGTGCGACGTTGTCGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt562_E7_VE_rc|1
TACTAATTGCTCATAGCAATGTAACCCTACAGGGTCTGGAGGTTGCAGGTCTAATACAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt651_E7_VE_rc|1
TTCATCGTTTTCTTCTCCTCTGAGTCGCTTAATTGCTCGTGACATAGAAGGTCAACCGGAAT
>HPV49_Beta_9627363_nt644_E7_VE_rc|1
TGTTAGATTCTCGTAGCATTCGAGGTCAATGGGCTGGCCAAACTCTTCTTGTAGTATTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt618_E7_VE_rc|1
GCAACAGGTGTCTATTGTATAGGGATAGTGCTCCTCCTCCTCAGGATCACCATCGGGTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt588_E7_VE_rc|1
CTCCTCCTCCTCAGGATCACCATCGGGTGACAACCTCCTCATCAGCTAAAAGACTGACAGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt639_E7_VE_rc|1
AATGCCACAGGTAGTAACCACCCTGTAGGCCTGCTGTGCTTGTTCACAAGTTGCTCACG
>HPV93_Beta_37089393_nt762_E7_VE_rc|1
GCTGTTTTCGGCAGTTAGGACACAGAAGATCCAACCTTAAGTCAATGCTGAAAGCA
>HPV58_Alpha_222386_nt635_E7_VE_rc|1
GTCCAAGCCTATTTTCATCCTCGTCTGAGCTGTCACATAATTGCTCATAGCAGAATAGGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt212_E7_VE_rc|1
GGCTCTTATGCAGCTTGCACACACCAATTCCAGGTCTCCACACAGCAGTTGTTCCACAGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt645_E7_VE_rc|1
CAGTGTGTACTACACTTTGTACACAAAGTTACCACCCTATACGCCTGTTGTGCTGGTTC
>HPV9_Beta_9627396_nt644_E7_VE_rc|1
TTGGACAAGCTCTTGCAGTTCTAGAACCACCTCTGGTATAGTAGCTTCTTTCCCAATCAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt592_E7_VE_rc|1
CACTTCGTCCACCTCATCTTCTGAGCTGTCTACTAATTGCTCATAGCAATGTAACCCTAC
>HPV17_Beta_396932_nt623_E7_VE_rc|1
CTGGACAAGCTGTTGCAGCTCAAGCACTATATCTGGTATTGTAGCTTCTTTCCCAATCAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt666_E7_VE_rc|1
TGCCCTTATATCTGCGTGGCTGCACTCTACCACAGTCGAGTGGTAAACTACACTTTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt713_E7_VE_rc|1
GTTCTTGGAACACCCAGGGCAACTTATGGAAATCTCTGCAAGTAAAAGCTGCTGAAGCGT
>HPV21_Beta_1020170_nt767_E7_VE_rc|1
TGTTTTCTGCTGCTCGCTCGGTAACCTCCTCTCACAAAACAGGTCAACTGGTTGTACCTC
>HPV21_Beta_1020170_nt737_E7_VE_rc|1
TTCACAAAACAGGTCAACTGGTTGTACCTCAGGCTGCAATTCATTTAACTCCAGAACAAT
>HPV58_Alpha_222386_nt695_E7_VE_rc|1

GTAACAACAAGTTACAATGTAGTAATTAGCTGTGGCCGGTTGTGCTTGTCCATCTGGCCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt741_E7_VE_rc|1
ACACCCAACACAGCAAAATATCACCTTCCCTTCCAGAAGAAGTTGTTCCACGACTCGTAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt591_E7_VE_rc|1
GGGTTGCTCACGCTCATCCTCTGAGTCTGAGCTGTCTAATTGCTCGTTACAGGTTAAGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt520_E7_VE_rc|1
CTGGACAAGGTCTTGCAGATCCAGCACAAATATCTGGTATAGTAGCCTGTTTCCCAATCAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt650_E7_VE_rc|1
TGAAACCACCTTATATGCCTGCTGTGCTGGTCTGTGGGTTGCTCACCGTCCACCCTATT
>HPV1_Mu_9626063_nt620_E7_VE_rc|1
AGCAACGACAGCATAAGGTTGCTGAGGCGACACTAACTCCTCCTCTATGTCATCAGGAGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt641_E7_VE_rc|1
ACACTCTCGTTCAGCTTGTCTGTCTAGATGGCTGTCTGTTTCATCCTCATCCTCTGAGTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt654_E7_VE_rc|1
ATCTGGTTTTGCTTGTCCATCTGGCCGGTCCATGCCTACTTCATCCTCCTCATCTGAGCT
>HPV28_Alpha_1020202_nt519_E7_VE_rc|1
GACGTCTCTGGTGCAGACTCAATTCTATATCTTTTACTGTGGGATGCGGACCGTGCAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt620_E7_VE_rc|1
CCCGTAGGCCTGCACATCTGGTTCGTCTGAGTTGATTATCTCTTCTTCTGAGCTGTC
>HPV110_Beta_186461194_nt595_E7_VE_rc|1
CTGAACAAGCTCTTGCAAATCCAGAACAATGTCTGGTATAGTAGCTTGTTCCTTCCCAATCAT
>HPV15_Beta_396924_nt623_E7_VE_rc|1
CTGGACAAGCTCTTGCAGCTCAAGCACTATATCTGGTATAGTAGCTTCTTTCCTTCCCAATCAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt603_E7_VE_rc|1
ATCATCCACATCCACCTCTTCTCTGAGCTGTCTAGCAATTGCTCGTGGCAATGTAGGTC
>HPV11_Alpha_333026_nt561_E7_VE_rc|1
TTCTAATTGCTCATAGCAATGTAACCCTACAGGGTCAGGAGGCTGCAGGCTCTAGTACTAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt744_E7_VE_rc|1
TGTTTCGGACGTCTGCTGCTGTACTGTGAATGCACAAACGCAAAGTGCCTCACAGATGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt122_E7_VE_rc|2
ACACAATGACTTCTCACAATACTTGCAATCTGTCCACCACCCGGTAAGGACACTTATCCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt608_E7_VE_rc|1
ACAATTGTGACACTTGGAGTCTATCCGGTACGGACAAAACCTCCTCCTCTGCAGTAGCATC
>HPV20_Beta_1020162_nt758_E7_VE_rc|1
TCTCTCCTGCTGCTCGTTCGGTAACCTCCTCTTACAAAACAGGTCAACTGGTTGAACCTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt627_E7_VE_rc|1
TAACACCTTAAATGCTTGTGTTGTCAGGTTGTGTTACTGCTGTCTCATCTTCTGCATCAGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt680_E7_VE_rc|1
CCTAACTGCACGACAGCACCTACCACAGTATGAAACCACCTTATATGCCTGCTGTGCTGG
>HPV51_Alpha_333087_nt621_E7_VE_rc|1
ATTATCTACTTCATCCTCCTCCTCTGAGCTGTCAAATTGCTCGTAGCATTGCAAGTCAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt774_E7_VE_rc|1
TCCTAGTGTGTTTATAAGCATCTGCTGGATTGTTTCGGACGTCTGCTGCTGTACTGTGAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt593_E7_VE_rc|1
ACTGGTATCTATTTGGAAAGGTTCTCGCTCCTCCTCCTGGGTCTCCTCATCAGATGA
>HPV1_Mu_9626063_nt740_E7_VE_rc|1
TAGGGTGCACAGTGGGCACACGATGTTCAAAGATCGCAGAAGGAGTTCCTCCAGCTGTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt668_E7_VE_rc|1
TTGCTCAAAACAACGTATTCCAAATTCAGTTGCAGCGACTGTCACCCCTTATGCGACAGCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt481_E7_VE_rc|1
ACAGTCCCTATCATCCTCCTCCTCTGAGCTGTCTATACCTTGTTTCATTACAATATAGGTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt606_E7_VE_rc|1
TAATTCTTCGTAGCAATGCAGGTCAATGGGCTGGACAAGCTCTTGCAGTTCAGAACAAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt671_E7_VE_rc|1
ACACTTCGTGCAGTCAGTAACTATTCTGTAACTCTCGTTCAGCTTGTCTGTCTAGATG

>HPV69_Alpha_6970418_nt625_E7_VE_rc|1
ATCCTCCTCTGAGCTGTCAAATTGTTTCATAGTCCAATTGTTTCGTAACACTGTAGGTCAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt683_E7_VE_rc|1
TCTTTTCAGGCTCCACCTCCGTATCCTGCTCTGGCAACTCCTCTTCACAGTGCAAATCAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt653_E7_VE_rc|1
GGTGTCTGGTTTTGCTTGTCCAGCTGGACCGTCAATAGTATCTTCCTCCTCCTCTGAGCT
>HPV27_Alpha_396964_nt660_E7_VE_rc|1
TCTGCCGCACTTGCAGCAGGTTGTTACCACCCCGTAGGCCTGCACAGCTGGTTCTGTCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt627_E7_VE_rc|1
TCTGTAACGCTGTATGTCCTGTTTGGCTTGGTCATCTTCATCTGAGCTGTCCAATTGTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt552_E7_VE_rc|1
AGGCTCTGGTGGTGTCAACCCTAACACAATGTCTTGCAGAGTGACCTCTTTTCCAATCAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt624_E7_VE_rc|1
CATGCCTACTTCATCCTCCTCATCTGAGCTGTCTATGCAATTGCTCATAGCAGTATAGGTC
>HPV80_Beta_2911565_nt653_E7_VE_rc|1
TAACTCTTCGTAGCAATGCAGGTCAAGTGGGCTGGACAAGCTCTTGCAGCTCAAGCTCTAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt631_E7_VE_rc|1
CAGGTTCATTCAGCAGCAGCTGTTGTAGATGTCTTAGATGTGCGTCGTCAGACAATACTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt642_E7_VE_rc|1
GCAGAACACAATAATCTTGAAAGCTGTTCTTGCAGGCTCCTCCTCCGTATCCTGCTCGGT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt728_E7_VE_rc|1
CTCCGTTTCCTGTTTCGTTTGGTAATTCCTCTTCACAAAGCAGGTCAACTGGTATCACTTC
>HPV49_Beta_9627363_nt674_E7_VE_rc|1
CTCCAACCTCTTGTTTCAGCTGGCGCTTCAGCTGTTAGATTCTCGTAGCATTGCAGGTCAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt828_E7_VE_rc|1
CAAAAATGATAGCGTGCCCAAAAACAGCTGCTGGAGATCTCGTAGATCGGCTGCTGAACT
>HPV35_Alpha_333050_nt623_E7_VE_rc|1
GTCAATAGTATCTTCCTCCTCCTCTGAGCTGTCTACACAATTGCTCATAACAGTATAGGTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt655_E7_VE_rc|1
GGCTTGCTGGTTACGCACATTATCTGTTTCATCCTCCTCTGAGCTGTCAAATTGTTTCATA
>HPV93_Beta_37089393_nt612_E7_VE_rc|1
TGCAGGCTCCTCCTCCGTATCCTGCTCGGTTGGTAACTCCTCTTCACAATTCAATGCAAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt582_E7_VE_rc|1
TGTAATCTCATACTCATCATCTGAAGATTGCAAGACCTCCTCACTCAGCAGGTTTGCTGG
>HPV22_Beta_1020178_nt644_E7_VE_rc|1
AATGGGCAGGACAAGCTCTTCAAGAACTATATCACACAGAGTAGCTTGTTTCCCAATCAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt484_E7_VE_rc|1
ACAATCCCTATTATCCTCCTCCTCTGAGCTGTCTAACAATTGCTCGTCACAATGTAGGTT
>HPV77_Alpha_2911558_nt555_E7_VE_rc|1
GCTGTCTAATTGCTCATTCATAGTAAAGGGACGGCCTCTGGTGCAAGATCCAATTCAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt531_E7_VE_rc|1
GTCACACGTTGGCAGGTCATACAAAATAATGTCCTTTAGCGTTGGTGCGTTTCCACGCAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt601_E7_VE_rc|1
TCTTAGATGTGCGTCGTCAGACAATACTACTAACCTAACTGCACGATAGCACACACCACA
>HPV81_Alpha_40804509_nt663_E7_VE_rc|1
CGTAGTAACCACTTATAGGCCTGCTGTGCTTGTCTACTAGTTGCTCACCCTGTCCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt644_E7_VE_rc|1
GGCTTGTTCTGCTTGTCCATCTGGCCGGTCCACACCATCTGTATCCTCCTCATCTGAGCT
>HPV110_Beta_186461194_nt625_E7_VE_rc|1
CTCCTCGTAGCAATGCAGGTCAAGCTGGGCTGAACAAGCTCTTGCAATTCCAGAACAAT
>HPV19_Beta_396940_nt751_E7_VE_rc|1
TGTTTTCTGCTGTTTCGGTTCGGTAACTCCTCTTCACAAAACAGGTCAACTGGTTGTACCTC
>HPV55_Alpha_1020266_nt591_E7_VE_rc|1
GGCTAGTTCATCCACCTCATCCTCTGAGCTGTCTAATTGCTCATTGCAATGTAGGCCTAC
>HPV59_Alpha_557236_nt633_E7_VE_rc|1

CAAAGGATGATTAACCTCCATCTGGTTCATCTTTTTTCATTCTCGGAGTCGGAGTCAGGTAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt677_E7_VE_rc|1
TCTGTAACACACTTCTTGTCCAGCTTGTCTGGCCTGCTGGTCACGCATATTATCTGTTTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt561_E7_VE_rc|1
GCTGTCTAATTGCTCGTTACAGGTTAAGCTTCTAGGTTCTGGTTGCATAGTTAGCACATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt563_E7_VE_rc|1
GCTGTCTAATTGCTCATTGCAATGTAGACCTACAGGGTCAGGAGTCAGGTCTAAAACAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt717_E7_VE_rc|1
ATGAAGCAGTTCCTGCAGTACCCTTATGCCTGTGTGCGTGCTATACACACATAGCCGTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt710_E7_VE_rc|1
AGATCGCAGAAGGAGTTCCTCCAGCTGTCTAATGGCGCTGTGATCCGCGAGGACGGTCAA
>HPV37_Beta_1020226_nt623_E7_VE_rc|1
CTGGACAAGCTCTTGCAGCTCAAGCACTATTTCTGGTATTGTAGCTTCTTTCCCAATCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt580_E7_VE_rc|1
AGGTGCAGGCTCCTCCTCCTGATTTTCTGACAAGTCTTCGTCACAATGCAGGTCAATGGG
>HPV107_Beta_126131393_nt739_E7_VE_rc|1
CTCTTCGTAACAATGCAGGTCAATGGGCTGAGCAAGCTCTTGCAGCTCTTCCAGAACTAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt511_E7_VE_rc|1
TGCTTGTTCTGCCAGTTGGTCACGCACGCCAGTCCCTATCATCCTCCTCCTCTGAGCT
>HPV107_Beta_126131393_nt769_E7_VE_rc|1
TTCCTAGTAGCATCTGGAAGCTCTGGTAAGTCTTCGTAACAATGCAGGTCAATGGGCTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt622_E7_VE_rc|1
TTGTTTTTAAAGGTTGTGAATCTTGTCCGTCCTTCGTCACCTCATCTTCTGAGCTGTC
>HPV27_Alpha_396964_nt630_E7_VE_rc|1
CCCGTAGGCCTGCACAGCTGGTTCTGTCTAGTTGATGGTTATTCTCTTCTTCTGAGCTGTC
>HPV82_Alpha_6970427_nt626_E7_VE_rc|1
ATTATCTACTTCATCCTCCTCGTCTGAGCTGTCAAATTGCTCGTAGCATTGCAAGTCAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt454_E7_VE_rc|1
GGCTAATTGCTCGTTACAATGTAGGTCAACCGCATCAGGCTGATCCAGCTCTAGAAATAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt648_E7_VE_rc|1
AGTAAATCTAACACCTGCTCCACAAGGTTTGAACAGGTGTCTATTGTATAGGGATAGTG
>HPV76_Beta_2911551_nt644_E7_VE_rc|1
TGGTAAGTTCTCGTAGCATTGCAGGTCAATGGGCTGGCCAAACTCTTCTTGTAGCACAAAT
>HPV76_Beta_2911551_nt674_E7_VE_rc|1
CTCTGTGTCTTGTTCAGCTGGCACTTCAGCTGGTAAGTTCTCGTAGCATTGCAGGTCAAT
>HPV8_Beta_333074_nt714_E7_VE_rc|1
CTCCGTTTCTGTTCTGTTTGGTAATTCCTCTTCACAAAGCAGGTCAACTGGTAACACTTC
>HPV28_Alpha_1020202_nt669_E7_VE_rc|1
TGCCCTTATATCTGCGTGGCTGCACTCTACCACCAGTCGCAGTGGTGAACCTACACTTTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt735_E7_VE_rc|1
CAGGGGACACACGATCCTCAGTGAGCCTAACAGCAGCTCCTCCAGACGCGTAAGAGTAGA
>HPV35_Alpha_333050_nt683_E7_VE_rc|1
ACAACAGGACGTTACAATATTATAATTGGAGGTGTCTGGTTTTGCTTGTCCAGCTGGACC
>HPV47_Beta_333062_nt699_E7_VE_rc|1
GTCGCAAAACAGGTCAACTGGTAATACTTCAGGTTGAACCTCACTTAACTCCAGAACAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt484_E7_VE_rc|1
GTCCTCCCTATTATCCTCCTCTTCTGAGCTGGCTAATTGCTCGTTACAATGTAGGTCAAC
>HPV2_Alpha_9626032_nt650_E7_VE_rc|1
TCTGCCACACTTACAGCAGGTAGTTACCACCCGTAGGCCTGCACATCTGGTTCTGTCTAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt571_E7_VE_rc|1
CACTGCCAGTCTCAGTGAAGTGGCCACACATACCACACTTTGTTACCACCCTATAGGCCTG
>HPV51_Alpha_333087_nt651_E7_VE_rc|1
AGCCCGTCTTTCTGGTAGCTGGTCACGCATATTATCTACTTCATCCTCCTCCTCTGAGCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt454_E7_VE_rc|1
GTCTAACAATTGCTCGTGGCAATGTAGGTCAACCACATCGGGACGCTCTTGTAGGACAAT

>HPV97_Alpha_71726694_nt607_E7_VE_rc|1
GTGACGCTGTGGTTCAGCTCGTCGGGCTGGTAGTTGTCGATGATTAACATCATCTGTTTC
>HPV47_Beta_333062_nt669_E7_VE_rc|1
AGGTTGAACCTCACTTAACTCCAGAACAATATCTCGCACGGTGACCTCTTTACCAATCAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt606_E7_VE_rc|1
ACATACTGTTACCACCCTATACGCTTGTTGTGCTGGTTCCACCACATCTGTATAATCTTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt773_E7_VE_rc|1
CACAAATTCCTAGTGTGCCCATTAACAGGTCTTCCAAAGTACGAATGTCTACGTGTGTGCT
>HPV58_Alpha_222386_nt665_E7_VE_rc|1
TGTGGCCGGTGTGCTTGTCATCTGGCCCGTCCAAGCCTATTTTCATCCTCGTCTGAGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt698_E7_VE_rc|1
ACACAGAAAAGAAAATTCTGATTGAAGAAGGCACTCAAACACACGGATAGCTGCGTCGGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt768_E7_VE_rc|1
TTCCACCACTAACTGCAGACTGGCCTCACATTTACAACACACGCAGCAAATAGTGTGACG
>HPV32_Alpha_9627327_nt771_E7_VE_rc|1
ACACAATGGACACACAATGCCAGTGTGTCCAGAAGCATCTGATGCAGCTGTTGTATGTC
>HPV31_Alpha_333048_nt621_E7_VE_rc|1
ACTGTCTATGACATCCTCCTCATCTGAGCTGTCGGGTAATTGCTCATAACAGTGGAGGTC
>HPV18_Alpha_9626069_nt741_E7_VE_rc|1
GGCTTCACACTTACAACACATACACAACATTGTGTGACGTTGTGGTTCGGCTCGTCGGGC
>HPV76_Beta_2911551_nt614_E7_VE_rc|1
GGGCTGGCCAAACTCTTCTTGTAGCACAAATGTCAGGTAATGTAGCCTCTTTCCCAATCAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt490_E7_VE_rc|1
CGTGGCTAGTTCATCCACCTCCTCTTCTGAGCTGTCTAATTGCTCATTGCAAAGTAGGCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt647_E7_VE_rc|1
GGCCTGCTGGTCACGCATATTATCTGTTTCATCCTCATCTGAGCTGTCAAATTGTTCTATA
>HPV59_Alpha_557236_nt693_E7_VE_rc|1
ACACTTACAACACACACACAATGTTGTGACGCTGTGGTTCAGCTCGTCTAGCTAGTAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt636_E7_VE_rc|1
ATCTTCACTAGGAACATCTGGAAGCTCTGGTAATTCCTTCGTAGCAATGCAGGTCAATGGG
>HPV12_Beta_396910_nt724_E7_VE_rc|1
CTCCGTTTCCTGCTCGTTTGGTAATTCCTCTTCACAAAGCAGGTCAACTGGTAACACTTC
>HPV110_Beta_186461194_nt685_E7_VE_rc|1
AGCAGCAACAATCTTGTAAGGTGTATGACGTGACTCCTCCTCTGTTTCTTCTCAGTTAA
>HPV35_Alpha_333050_nt743_E7_VE_rc|1
CAATTTACGTATGTCAATGTGTGTGCTCTGTACACACAGACGTAGTGTGCCTCACATTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt683_E7_VE_rc|1
CTTGCAACAAAAGGTTACAATATTGTAATGGGCTCTGTCCGGTTCTGCTTGTCCAGCTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt645_E7_VE_rc|1
CTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAAATTGCATATGGATATTCAGACTCCTCCTCCTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt638_E7_VE_rc|1
TGCAGCGACTGTCACCCTTATGCGACAGCCACAATTGTGACACTTGGAGTCTATCCGGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt657_E7_VE_rc|1
TGTCTTACAACACACACCTCCACACTGGCTTAAACACCTTAAATGCTTGTGTCAGGTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt885_E7_VE_rc|1
GACACAGGCGTGACAAGCGAGGTCAAGGTGACTGTTGACCAGGAGTGCCTGTAGATTCCG
>HPV15_Beta_396924_nt653_E7_VE_rc|1
TAACTCTTCGTAGCAATGCAGGTCAGTGGGCTGGACAAGCTCTTGCAGCTCAAGCACTAT
>HPV45_Alpha_397022_nt738_E7_VE_rc|1
GTCACACTTACAACATACACACAAAATTTGTGACGCTGTGGTTCGGCTCGTCGGGCTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt615_E7_VE_rc|1
TGCATATGGATATTCAGACTCCTCCTCCTCAGCAGGTATATCCTCATAACAATTTAGATC
>HPV45_Alpha_397022_nt708_E7_VE_rc|1
GTGACGCTGTGGTTCGGCTCGTCGGGCTGGTAGTTGTGCATGACTAACTCCATCTGCTTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt713_E7_VE_rc|1

GCCGCAACAAAGTATTATTTTGTAAAGCTCTTCTTTTCAGGCTCCACCTCCGTATCCTGCTC
>HPV44_Alpha_1020242_nt594_E7_VE_rc|1
GGCTAGTTCATCCACCTCATCTTCTGAGCTGTCTAATTGCTCATTGCAATGTAGGCCTAC
>HPV36_Beta_1020218_nt724_E7_VE_rc|1
CTCCTCCGTATCCTCGTTTGGTAATTCCTCTTCACAAAACAGGTCAACTGGTAGTACTTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt621_E7_VE_rc|1
TTGTAGATTCACTTGCTGGTCCTGTTGCGTGGGTTGCTCACGCTCATCCTCTGAGTCTGA
>HPV75_Beta_2911544_nt644_E7_VE_rc|1
TGCTAAATCCTCGTAGCATTGCAGGTCAATGGGCTGGCCAAACTCTTCTTGTAGCACAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt747_E7_VE_rc|1
GGTGGGACACACTATTTGCAGTGGCTCCTGATGAAGCAGTTCCTGCAGTACCCTTATGCC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt544_E7_VE_rc|1
ACACAACCCACATTCTGTAAACACCCTATAGGCCAGCTGTGCTGGTTCTGCAGGTTGGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt152_E7_VE_rc|1
AATGCCCTCCTCCGTGGCTACCACATACATACACAATGACTTCTCACAATACTTGCAATC
>HPV4_Gamma_9626597_nt522_E7_VE_rc|1
TAACACTAAGTCATTTAGTTCTAAATTAAGATCTGCAACCGTGGGCGCTGCTCCTCTCAT
>HPV39_Alpha_333245_nt653_E7_VE_rc|1
ATCTATTTCATCCTCTGACTCTCCTAATTGCTCGTGACATACAAGGTCAACCGGCTGTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt561_E7_VE_rc|1
CAAGACCTCATCGCTCAGCAAATTTGCAGGAACAACCTAATCATGGAGGTTTAAATCAAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt667_E7_VE_rc|1
GGATTGCTCACGCTCATCCTCTGAGTCTGAGCTGTCTAATTGCTCGTCACAGGTTAAACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt62_E7_VE_rc|1
TTGCTCGTCCTGCTGCTCCTCCTCGGTTACTAATTCATCACATAATAAGTTTGCAGG
>HPV37_Beta_1020226_nt683_E7_VE_rc|1
ACGCTCCTCCTCTGTCTCTTCTTCACTCAACTCTTCGTAACAATGCAGGTCAGCAGTGGG
>HPV33_Alpha_333049_nt694_E7_VE_rc|1
AGTGTGACAACAGGTTACAATGTAGTAATCAGCTGTGGCTGGTTGTGCTTGTCATCTGG
>HPV38_Beta_1020234_nt653_E7_VE_rc|1
ATCAGGCAACTCCTCGTGGCAATGCAGGTCAATGGGCTGGACAAGCTCTCAAGAACTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt741_E7_VE_rc|1
CAGAAGCATCTGATGCAGCTGTTGTATGTCCGCGCCTGTACTACTGACAACAAGTTTAAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt617_E7_VE_rc|1
ATCCTCATCTGAGCTGTCAAATTGTTTCATAGTCCAATTGTTTCGTAGCAGCGTAGGTCAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt711_E7_VE_rc|1
TTCCAGAAGAAGTTGTTCCACGACTCGTAGTCCAAATGCAACAGCATACAAAGTGATTCT
>HPV39_Alpha_333245_nt743_E7_VE_rc|1
CTTACAACACGAACACTGTATTGTGTGACGCTGTGGTTCATCCCGTCTGGCTAGTAGTTG
>HPV33_Alpha_333049_nt664_E7_VE_rc|1
AGCTGTGGCTGGTTGTGCTTGTCCATCTGGCCGGTCCAAGCCTTCATCCTCATCTGAGCT
>HPV96_Beta_50253426_nt794_E7_VE_rc|1
CAACTCTTCGTCACAATGCAGGTCAATGGGCGAGACAAGGTCTTGCAGCTCCAGCTTTAT
>HPV96_Beta_50253426_nt824_E7_VE_rc|1
TTCTGACAGGTTTTCTGACTGCTCTTCTGTCAACTCTTCGTCACAATGCAGGTCAATGGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt481_E7_VE_rc|1
ACAATCCCTAGCATCTTCCTCATCTGAGCTGTCTAGCATTCTTCCTCACATTGTAGGCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt92_E7_VE_rc|1
ATCTGTGCACAATTCTATAAGGGCTTAAAGCTTGCTCGTCCTGCTGCTCCTCCTCCTCGGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt541_E7_VE_rc|1
ACCACACTTTGTACCACCTATAGGCCTGCTTTGCTTGTCTGCCAGTTGGTCACGCAC
>HPV52_Alpha_397038_nt764_E7_VE_rc|1
TTGTAATGTGCCCAACAGCATTTGCTGTAGAGTACGAAGGTCCGTCGCAGTGCTATGAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt738_E7_VE_rc|1
TTTACAACACACGCAGCAAATAGTGTGACGCTGTAGTTCTTCTCGTCTGGCTAGTAGTGG

>HPV10_Alpha_9627257_nt675_E7_VE_rc|1
CAGTGCCCTTATATCTGCGTGGCTGCACTCTACCACCAGTCGCAGTGGTAAACTACACTT
>HPV94_Alpha_40804528_nt516_E7_VE_rc|1
GATGTCTCTGGTGCAAGACTCAATTCTATATCTTTTACTGTGGGATGCGGACCGTGCAT
>HPV37_Beta_1020226_nt653_E7_VE_rc|1
CTCTTCGTAACAATGCAGGTGAGCTGGGCTGGACAAGCTCTTGCAGCTCAAGCACTAT
>HPV33_Alpha_333049_nt634_E7_VE_rc|1
CCGGTCCAAGCCTTCATCCTCATCTGAGCTGTCACCTAATTGCTCATAGCAGTATAGGTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt518_E7_VE_rc|1
AGCAGGCAAAACAAGCTCTTCTAACTCTATGTCAGGAATAGTAGCCTTATCTCCCTCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt680_E7_VE_rc|1
AATGGCGCTGTGATCCGCGAGGACGGTCAATCGAACAGTTTCTCGCAATAGGCACAGGA
>HPV42_Alpha_333211_nt597_E7_VE_rc|1
GTCATCTTCATCTGAGCTGTCCAATTGTTTCATAGCAATACAGGTCAATGGGTGTCTCACA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt648_E7_VE_rc|1
CCCACACTCTGTAAACACCCTATGGGCCAGCTGTGCTGGTTCTGCAGGTGGTTCACGCAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt743_E7_VE_rc|1
AAATAATCGAAGCCGGGTTCCACAACCGCCGCCGCAACAAAGTATTATTTGTAAGCTCT
>HPV52_Alpha_397038_nt614_E7_VE_rc|1
CACACCATCTGTATCCTCCTCATCTGAGCTGTACCTAATTGCTCATAGCAGTGTAGGTC
>HPV110_Beta_186461194_nt655_E7_VE_rc|1
TGACTCCTCCTCTGTTTCTTCTTCAGTTAACTCCTCGTAGCAATGCAGGTGAGCAGTGGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt798_E7_VE_rc|1
CTGGAGATCTCGTAGATCGGCTGCTGAACTTTCCACCACTAACTGCAGACTGGCCTCACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt182_E7_VE_rc|1
CAGGTCTCCACACAGCAGTTGTTCCACAGACCTTATTGCCCGTCCGTAGCTAGTACATG
>HPV111_Beta_186461202_nt609_E7_VE_rc|1
CAATTCTTCGTAGCAATGCAGGTGAGTGGGTTGGACAAGCTCTTGCAGCTCAAGAACTAC
>HPV40_Alpha_397014_nt558_E7_VE_rc|1
GCTGTCTAATTGCTCGTTGCAGTTTAGACATACAGGTTTCAGGGTGCAGGTTTAACACAAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt579_E7_VE_rc|1
CACACTATCCTCCTCCTCTGACTCTGAGCTGTCTAATAACTGCTCATTGCAATGTAGGTC
>HPV40_Alpha_397014_nt648_E7_VE_rc|1
TACTTGCAGGTCCTGTTGCGTGGGTTGCTCAGCTCTCTACTGTGTAAGCTGTCTAGTTG
>HPV40_Alpha_397014_nt588_E7_VE_rc|1
GTCCTGTTTCATGGTCATCTTCTGAGTCTGAGCTGTCTAATTGCTCGTTGCAGTTTAGACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt684_E7_VE_rc|1
ACACACAGTAACAATATGGTAATTGGTTGTATCTGGTTTTGCTTGTCCATCTGGCCGGTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt755_E7_VE_rc|1
CTGGGTTTCAGTTGCACACCACGGACACACAAAATTTAGTGAGTCCATAAACAGCTGTTG
>HPV11_Alpha_333026_nt591_E7_VE_rc|1
CACCTTGTCACCTCATCTTCTGAGCTGTCTTCTAATTGCTCATAGCAATGTAACCCTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt708_E7_VE_rc|1
CTGTAGTTCTTCTCGTCTGGCTAGTAGTGGTTGTCGGTGATTAATTGCATTATCTGGTTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt618_E7_VE_rc|1
CTGTGCTGGTTCTGCAGGTTGGTCACGCACACAATCCCTATTGTCTCCTCCTCTGAGCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt687_E7_VE_rc|1
TGTGTGCGTGCTATACACACATAGCCGTACTGTCTTACAACACACACCTCCACACTGGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt650_E7_VE_rc|1
TCGAACCAGTTTCTCGCAATAGGCACAGGAACGACAGCATAAGGTTGCTGAGGCGA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt484_E7_VE_rc|1
GTCCCTATCATCCACCTCTTCTCTGAGCTGTCTAACAATTGCTCGTGGCAATGTAGGTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt545_E7_VE_rc|1
ATCTATTTTCATCGTCTGAATCTCCTAATTGCTCGTGACATACAAGGTCAACCGGCTGTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt576_E7_VE_rc|1

CTGGACAAGCTCTTGCAGTTCCAGAACAAATATCTGGAATAGTAACTTCTTTCCCAATCAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt653_E7_VE_rc|1
GGCTCTGTCCGGTCTGTGTTGTCCAGCTGGACCATCTATTTTCATCCTCCTCCTCTGAGCT
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt698_E7_VE_rc|1
TTCACAAAGCAGGTCAACTGGTATCACTTCAGGCTGCACCTCACTAAGCTCCAAAATAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt623_E7_VE_rc|1
AGTCTGTGGCTCAGTCAACTCTAAGACAATGTCTTGTAGAGTGACCTCTTTTCCAATCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt795_E7_VE_rc|1
TCGTATGATAGCCTGGCAAAATGGACACTGACTCTCTACCAGGTATAATGTTCTCCTGGG
>HPV47_Beta_333062_nt729_E7_VE_rc|1
CTCCGCTGTTGTTTCATTTGGTAATTCCTCGTCGCAAAACAGGTCAACTGGTAATACTTC
>HPV31_Alpha_333048_nt681_E7_VE_rc|1
CTGACAACAAAAGGTAACGATATTGTAATTGGATGTGTCCGGTCTGCTTGTCCAGCTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt855_E7_VE_rc|1
ACTGTTGACCAGGAGTGCCTGTAGATTCCGTATCCCAGTGTTGCTTGCTACGCATACAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt783_E7_VE_rc|1
ACACACAAAGGATAGTGTGTCCATAAACAGCTGCTGTAAGGCTCGCAATCCGTCTTGCGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt242_E7_VE_rc|1
GTGTCTTTGTCCCTCCATTTTCGCTGGCGTTGCTTTGCACAGGCTGGACACACAATATCCAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt693_E7_VE_rc|1
CAGCCTAACTAAACACCTACAAATACCACAGTAGTAACACCCTATAGGCCTGCTGTGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt571_E7_VE_rc|1
TAACCTAACTGCACGATAGCACACACCACACGATGTTACCACCCTAAAGGCCTGCTGTGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt558_E7_VE_rc|1
GCTGTCTAATTGCTCGTTGCAACTTAACTTACTGGTTTCGGGTTGCAAGCTAACACGAT
>HPV25_Beta_396948_nt736_E7_VE_rc|1
TGTTTCTGATGCTCAGCCGGCAACTCCTCTTCACAAAACAGGTCAACTGGTTGTACCTC
>HPV97_Alpha_71726694_nt637_E7_VE_rc|1
CTCACATTTACAACACATACACACAATTGTGTGACGCTGTGGTTTCAGCTCGTCGGGCTGG
>HPV52_Alpha_397038_nt674_E7_VE_rc|1
ACAATATGTCACAATGTAGTAATTGCTTGTGGCTTGTCTGCTTGTCCATCTGGCCGGTC
>HPV42_Alpha_333211_nt747_E7_VE_rc|1
CAAAGGACACACAATATCCAGTGTGCCCAAAAGCATCTGTTGCAGGTTTCTTATGTCCGC
>HPV22_Beta_1020178_nt674_E7_VE_rc|1
TTCAGGCAGCTCCTCGTGGCAATGCAGGTCAATGGGCAGGACAAGCTCTTCAAGAACTAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt544_E7_VE_rc|1
CCCACACTCTGTTACCACCCTATAGGCCAGCTGTGCTGGTTTTGCAGGTTGGTCACGCAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt575_E7_VE_rc|1
TTGGTGGTGATTAACTGCATGGTCGGGTTTCATCTATTTTCATCGTCTGAATCTCCTAATTG
>HPV35_Alpha_333050_nt593_E7_VE_rc|1
GTCACACAATTGCTCATAACAGTATAGGTCAGTTGCCTCGGGTTCCAAATCTAAACATA
>HPV72_Alpha_1491683_nt675_E7_VE_rc|1
AACTGGACGGTAGCACCTGCCACAGGTAGTAACCACCCCGTAGGCCTGCTGTGCTTGTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt705_E7_VE_rc|1
CAGCAGCTCCTCCAGACGCGTAAGAGTAGACAGGTGAGAAACGCAGGTGAGCCTTAACAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt798_E7_VE_rc|1
TGTAGCTGCACAGTTGGGGCACACTATATTAGTGTGCCCATCAGCAACTGATGAACCTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt642_E7_VE_rc|1
AGCAACTTCACATCTATAGCAACAGGTGTCTATTCTAAATGGAACCACCGACTCCTCCTC
>HPV5_Beta_9627145_nt724_E7_VE_rc|1
CTCCGTTTCTGCTCGTTTGGTAATTCCTCTTCACAAAACAGGTCAACTGGTAGCACTTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt833_E7_VE_rc|1
ATCGCTGTTACGGCAGTCGGGACACAAAATGACCACCTCTTCTAGCAGTAAGTCTTGACG
>HPV60_Gamma_9628566_nt558_E7_VE_rc|1
CAACTCCTCATCAGCTAAAAGACTGACAGGTAAAACCAACTCCTCCAAATTTACATCAAG

>HPV65_Gamma_312100_nt522_E7_VE_rc|1
CAACACCAAGTCATTTAATTCTAAATTAAGATCTGCAACCCTGGGTGCTGCTCCTCTCAT
>HPV20_Beta_1020162_nt7671_AOS|1
AACAGGAGGAAATGTAAGGCTGCCAACGCTTTTGGCTCTTCTTTTGGCACAGCAGAAGA
>HPV20_Beta_1020162_nt7644_AOS|1
CAAACCTTCATCGTCCCAACACGTTTCGGAACAGGAGGAAATGTAAGGCTGCCAACGCTTTT
>HPV20_Beta_1020162_nt5062_AOS|1
GCACACCTATGCAAAGACTTCAAAATGTGTTTCAGGCGTAGAGGAGGCCTTACTAACAGAA
>HPV20_Beta_1020162_nt4799_AOS|1
TGCAGTTCTAGAGGTAGCACCAGAACCAACACCTCCAGCTCGTGTCAGAGTCAGCCGCAC
>HPV20_Beta_1020162_nt4740_AOS|1
CCAGGCCCTCAAGGCCACCAACTGATACACCAGTTACATCTACTACCAGTG GTTCTAGT
>HPV20_Beta_1020162_nt4733_AOS|1
AATACATCCAGGCCCCCTCAAGGCCACCAACTGATACACCAGTTACATCTACTACCAGTGG
>HPV20_Beta_1020162_nt217_AOS|1
TCAGAAGACAGCGCTGATGAAGGACCATCTAATATTGGAGAGGCAAAACCTCCAATCTTA
>HPV20_Beta_1020162_nt179_AOS|1
AATGCAGAGAGTG CAGGCACATGGCTACACCTCCTTCTTCAGAAGACAGCGCTGATGAAG
>HPV20_Beta_1020162_nt170_AOS|1
CATAGAGCTAATGCAGAGAGTG CAGGCACATGGCTACACCTCCTTCTTCAGAAGACAGCG
>HPV20_Beta_1020162_nt155_AOS|1
CATATAGACAGATATCATAGAGCTAATGCAGAGAGTG CAGGCACATGGCTACACCTCCTT
>HPV21_Beta_1020170_nt7013_AOS|3
TGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAATTATAAAGCCGAGAGCTTTCAAGAATATTT
>HPV21_Beta_1020170_nt7006_AOS|2
TAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAATTATAAAGCCGAGAGCTTTCAAG
>HPV21_Beta_1020170_nt6999_AOS|2
ATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAATTATAAAGCCGAGAGC
>HPV21_Beta_1020170_nt5549_AOS|1
ATTTATTGATATTAACGTTGATGAAAACCTCTTTCTGAAGATTTTAGTGACATTTCAGA
>HPV21_Beta_1020170_nt5162_AOS|1
TCAACAGGTTAATGTAGAGAATCCTTTGTTGTATCCAGGCCTTCTAGATTAGTGACGTT
>HPV21_Beta_1020170_nt282_AOS|1
TTTAGAGCCACCATTACCAGCTACAATTCGTGACCTAGCCAATCTGTTAGAGATAACCATT
>HPV21_Beta_1020170_nt273_AOS|1
ATCTAGCTTTTTCAGAGCCACCATTACCAGCTACAATTCGTGACCTAGCCAATCTGTTAGA
>HPV21_Beta_1020170_nt266_AOS|1
AAAATACATCTAGCTTTTTTAGAGCCACCATTACCAGCTACAATTCGTGACCTAGCCAATC
>HPV21_Beta_1020170_nt257_AOS|1
TAGAAGAAGAAAATACATCTAGCTTTTTTAGAGCCACCATTACCAGCTACAATTCGTGACC
>HPV22_Beta_1020178_nt6715_AOS|1
TGGCAAGTGACGGCACCACAGTTAATTATGATGCTAAAAAATCAGAGAATTTATGCGCC
>HPV22_Beta_1020178_nt3899_AOS|1
TCTAGGATACTAATATCATTTTCATACAGATAGGGAAAGAGAGAAGTGCTTGCAACAAATG
>HPV22_Beta_1020178_nt3889_AOS|1
AATCGGGCGCTCTAGGATACTAATATCATTTTCATACAGATAGGGAAAGAGAGAAGTGCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt3877_AOS|1
TACAACCGATAGAATCGGGCGCTCTAGGATACTAATATCATTTTCATACAGATAGGGAAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt845_AOS|1
AACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTACTTGGACCTGTAAAACTTTTGTG
>HPV22_Beta_1020178_nt837_AOS|1
ATACTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTTCAAACATCTCTACTTGGACCTGTAAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt413_AOS|1
CCTACGCTTCAGCCCAATTTGAATTTTCAGCAGTATTATCAAGTTACTTTGTATGGTCGTG
>HPV22_Beta_1020178_nt406_AOS|1

GGCTGTGCCTACGCTTCAGCCCAATTTGAATTTTCAGCAGTATTATCAAGTTACTTTGTAT
>HPV22_Beta_1020178_nt181_AOS|1
GCATATTATTTAAGTAGGATGGGCTGCTATTCTGTATTTCATGGCTTTGCAAAGACCACTG
>HPV23_Beta_1020186_nt5544_AOS|1
TTACCTAGTGGCCCTGCTGTAGTCATACACACATTGGACAAGTCTTTTGATTATTACTTA
>HPV23_Beta_1020186_nt5536_AOS|1
TATTTCCCTTACCTAGTGGCCCTGCTGTAGTCATACACACATTGGACAAGTCTTTTGATT
>HPV23_Beta_1020186_nt5529_AOS|1
ACTATAATATTTCCCTTACCTAGTGGCCCTGCTGTAGTCATACACACATTGGACAAGTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt5258_AOS|1
ACCTCTGCAAAGCACTGTAATAGATATGAACTTAGATGATGTTGAGGCTATTCAGGATAC
>HPV23_Beta_1020186_nt5246_AOS|1
AGTTATTGAGGAACCTCTGCAAAGCACTGTAATAGATATGAACTTAGATGATGTTGAGGC
>HPV23_Beta_1020186_nt3888_AOS|1
GAGTAGGGCGTGCAAGGATGTTAATAGCATTTTCATTCTAATCATGAAAGGGAAAAATGTA
>HPV23_Beta_1020186_nt3870_AOS|1
GGGGTCATTCTACTGATAGAGTAGGGCGTGCAAGGATGTTAATAGCATTTTCATTCTAATC
>HPV23_Beta_1020186_nt3108_AOS|1
CAGTATGGTCTTATATTTACTATCAAAGTATGAGGACACTTGGGAAAAGGTTGAAGGAC
>HPV23_Beta_1020186_nt1400_AOS|2
GGCTGGGACATATTGAAAGTTTGTGAAGATGTAATAATGCTAAAGCAGTGTGCTACATA
>HPV23_Beta_1020186_nt209_AOS|1
TGCATTATTTAAGTAGGATGTGCTACACCAAATTATTGATGGACTCGACGCGACCACTGA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7201_AOS|1
CCACGAGAGGATCGTCTGCTGCAAAACGAAAACGCGCCAAAAGTAGCACTACTGTGTTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4240_AOS|2
ACAATGTATTTTTTAAGTACTGTGTATATCCCAGTGTGCTATTGAGCCACTGCCTTTTCTA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4222_AOS|1
GTGTGTTAGTTGGTCACCACAATGTATTTTTTAAGTACTGTGTATATCCCAGTGTGCTATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4101_AOS|1
GATCATACTGTCTTCTGGAGCCAGATGACGTGTATCTATTGTTGTTGTTTATATTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4050_AOS|1
CAATACATAAGCCTTGCTATGTATCCTTTGGTGCTAAGGGACAACAATGGCGATCATACT
>HPV28_Alpha_1020202_nt3090_AOS|1
AAACCAAATCCATGTGTTATGTACACTGGAGAGACATATTTACTCAGAACTATAGTGATG
>HPV28_Alpha_1020202_nt1472_AOS|1
GGTTGGGATTTAATGAACTTATCCGACACTTCAAAAGTAGCAAAACCGTTTGCCTAGATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt68_AOS|1
AAAAAGAGGCTTACATTGAATGGCAGAAGCTCAATGGATGACCAACGGCCTAAAAACATA
>HPV29_Alpha_1020210_nt5616_AOS|1
TCGCCAGTTGATGTGCCTTTACACACGGGCCCTGATATTATTCTGCCCTCCTCTGCACAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6608_AOS|1
TAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCCTGTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGAACTC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6601_AOS|1
GCTGGTGTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCCTGTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6594_AOS|1
TAATCGTGTGTTGTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCCTGTACTTAAAGGGTAACAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt5609_AOS|1
ATTCGTGTCGCCAGTTGATGTGCCTTTACACACGGGCCCTGATATTATTCTGCCCTCCTC
>HPV29_Alpha_1020210_nt5602_AOS|1
CTATTCCATTCTGTGTCGCCAGTTGATGTGCCTTTACACACGGGCCCTGATATTATTCTGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt4180_AOS|2
GATTGTTAATACTAATGGTATGCCTGTTGTTATTTATAGTTTATAGACATTTGGGATTAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4031_AOS|1
TTTATACCTAGGATTGGTGGCACTATATTTACAAGTTGTGCAGCACATTGCACGAAACAC

>HPV29_Alpha_1020210_nt2580_AOS|1
ACTGCAGGTATTCACATTCAGCAATCCATGTCCATTAACAAGTAAAGGAGAGCCAGTTTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt2090_AOS|1
GAATGTCCATGTCTGAGTGGATACGGTTTAGAAGCAACAAAGTACAGGGAGAGGGGGACT
>HPV36_Beta_1020218_nt7389_AOS|1
AGTGTCTTATCGAGGGTTCACCAGAGGAACCAAGCGCAAGCGAAAAACAGTAATATGACCG
>HPV36_Beta_1020218_nt6951_AOS|1
TAGTATTTCAATATATAACAATAATGGGGCACTAAAGGACATCAATGATTACACTGCAGA
>HPV36_Beta_1020218_nt6695_AOS|2
ACGACATCCCTGACGCCAGAATTGATAATGGGACTTTTAAGAATCAGTTTTTCATTCCTG
>HPV36_Beta_1020218_nt5518_AOS|1
CATTTATAGACGTAAATGTGTCTGAAAAATCCTTTGTCTGAAAGTGTGGAAGCCTTTTCTG
>HPV36_Beta_1020218_nt3618_AOS|1
CAAGACTGGGGTCCAGCGGTATCAACCAGATCACGATCCAGAAGCACCTCTAGAAGGGG
>HPV36_Beta_1020218_nt3611_AOS|1
CGCTCGCCAAGACTGGGGTCCAGCGGTATCAACCAGATCACGATCCAGAAGCACCTCTA
>HPV36_Beta_1020218_nt260_AOS|2
TAACTATTAAGGGCCTGTCAGAATCATTAGGCATTCCGTTTGTAGACTGTCTAATACCTT
>HPV36_Beta_1020218_nt253_AOS|1
CTGCCCTTTAACTATTAAGGGCCTGTCAGAATCATTAGGCATTCCGTTTGTAGACTGTCTA
>HPV36_Beta_1020218_nt183_AOS|1
TTAATAATTAAGGCAAATGGCAGAGCAAGCCTCCGAACAGCAGAATATTACAGAAAAAGA
>HPV37_Beta_1020226_nt6568_AOS|1
TACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTGTTAGGCAATTCTACCTATTTTCCCCTG
>HPV37_Beta_1020226_nt6538_AOS|2
GCACTGTTAATCAGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATC
>HPV37_Beta_1020226_nt6312_AOS|2
GACATGTTTGATATAGGGTTCGGAAATATTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAATCA
>HPV37_Beta_1020226_nt6084_AOS|2
TTTAATAAATTAAGGGACACTGAGAATAATAGTAATTACCAAGGGGGGTCACGGGATGAT
>HPV37_Beta_1020226_nt5579_AOS|1
AACACAAGTTATCTTGCCACAACCTGAAACACCAACTGTAGTTATTAGATTTGGAGAGGC
>HPV37_Beta_1020226_nt5337_AOS|1
CCAGGTCCCTTAAATATAGGGCAACAAGAGTCTACTATGGCAGATGACACAGATTTTAAT
>HPV37_Beta_1020226_nt4929_AOS|1
GAACAGGTAGCAGTCACGGATCCTTTATTCTTGAGTAGACCCTCACAATTAGTACAGTTT
>HPV37_Beta_1020226_nt2743_AOS|1
CCTAGAGACCCAAATTATGCATTGGCAACTTCTAAGGCAGGAGCAGATCCTGTTTCATTA
>HPV37_Beta_1020226_nt2736_AOS|1
GAGATGACCTAGAGACCCAAATTATGCATTGGCAACTTCTAAGGCAGGAGCAGATCCTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt415_AOS|1
TTTACCAGTTTCTATGAGCACTCAGTTAGTGGGAGGGAGATAGAAGAGATAGAGCAAAAG
>HPV38_Beta_1020234_nt7129_AOS|2
TGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAATCTTCCAAATCTGTAAAACGCAAAAGGACCCA
>HPV38_Beta_1020234_nt7118_AOS|1
GCACGAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAATCTTCCAAATCTGTAAAACGC
>HPV38_Beta_1020234_nt5426_AOS|1
CGTCAATCACTGTACCTAGATTTTCACTCCTCAAATCCTACCATATATTATCAGGATA
>HPV38_Beta_1020234_nt5413_AOS|1
CGCAGATCCACTACGTCAATCACTGTACCTAGATTTTCACTCCTCAAATCCTACCATA
>HPV38_Beta_1020234_nt5269_AOS|1
TTAGTGGATGTAAATGTGACTGAGGTTTCTGAAGGTGTTCTTACAGAACTTCTATGGAT
>HPV38_Beta_1020234_nt5262_AOS|1
AAGCACTTTAGTGGATGTAAATGTGACTGAGGTTTCTGAAGGTGTTCTTACAGAACTTC
>HPV38_Beta_1020234_nt4509_AOS|1

AATTGATACCCCTGTTGTGAGTGGAGGCCGCAATACCAATGCTATATTGGAAGTGGCTGA
>HPV38_Beta_1020234_nt4492_AOS|1
CCTATAGACCCCTATAGAAATTGATACCCCTGTTGTGAGTGGAGGCCGCAATACCAATGCT
>HPV38_Beta_1020234_nt3858_AOS|1
CATCAAATGATCGCATAGGGCGCTCACGAATGCTTCTAGCTTTTTATTTCAGAATCACAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt185_AOS|1
CTTGGGATGTATTCATGGAACCTACAAAACCTCAAACGTGTCAGCAGCTCAGTGATAAGT
>HPV44_Alpha_1020242_nt6716_AOS|2
GCTGCCACTACACAGTCCCCTCCGTCTACATATACTAGTGAACAATATAAGCAATACATG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6494_AOS|1
ATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGTTCCTAATGCCATATAC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6483_AOS|3
TTGGAGAGGACATTCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGTTCCTA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6474_AOS|1
CGGGAACGGTTGGAGAGGACATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7066_AOS|2
CCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCTCTTCCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7410_AOS|1
AGGTTGTTTGTATGCACTATAGTAACACACCAAACCTCCATTTTAGTGCTGTACGCCATTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7059_AOS|1
CCTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7052_AOS|1
ACTAGGCCCTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6681_AOS|2
GCTAAAAGCACATTAACTAAATATGATGCCCGTGAAATCAATCAATACCTTCGCCATGTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6179_AOS|1
AGGTAATACAGGGGATTGTCCACCTCTTGCATTAGTTAATACCCCGATAGAGGACGGTGA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6171_AOS|2
TCTACACCAGGTAATACAGGGGATTGTCCACCTCTTGCATTAGTTAATACCCCGATAGAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt249_AOS|1
GTATTGAGTTAAACTAGTATATAGAAACAATTGGCCATATGCAGTATGTAGGGTATGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6816_AOS|1
TACTTTGCAAGTTTCAACAACAAGATTACTCAGCCTTCCAGCAACCGAATTAGTTATCTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6476_AOS|1
TAGACGGGGGGTTTAATCTATGGCATTACCTGTGTTGCACATGCACTTTATATTTTTGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6190_AOS|1
GGTTTGTACCACCGCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTAAACATCTTTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5349_AOS|3
TATGTTAAAAACAGGAAAGGAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAGCAAACCTCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5338_AOS|1
ATCCTAATAGTTATGTTAAACAGGAAAGGAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4028_AOS|1
AATATTGGGGAATCTATACCATTAGAAACATTTGTGGAACACAGGGGTCTGCCACATTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4002_AOS|1
GTGCTGTAACAGAAGGATCTGTTGTCAATATTGGGGAATCTATACCATTAGAAACATTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3992_AOS|1
TTTATAGGGGGTGCTGTAACAGAAGGATCTGTTGTCAATATTGGGGAATCTATACCATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3346_AOS|1
AATAGCTTACATGGATGTACAACCGAAAAAGCGACAAAAACGGGATACTGTGGAAAATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3254_AOS|1
GATTCATTTTAAGCCAATAATGCTGCCAATGGTCCCCTGTATATTATCCTAACCCCTTACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6831_AOS|1
CTGCCAATTTTGCCAGCAGGTATGTTTCATGTTTAAACAAATGTATTACTCATGTGTTTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6652_AOS|1
TATGTAGCATGTCAACATTGTCGTTGTATGAGTTATTTCTTCTGACTCAGGGCAGTATTT

>HPV101_Unclassified_109390389_nt4092_AOS|1
GGTTATTAGTATAGGTGAATCTATACCTTTAGACACATTTGTTGAAACAGGAGGGTCTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3337_AOS|1
TTGTAAATAGCATCACATCTGCCTCTTGTGATTTTGTGTACCTTGTATATTATACTTCTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3330_AOS|1
TGCCTATTTGTAAATAGCATCACATCTGCCTCTTGTGATTTTGTGTACCTTGTATATTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3225_AOS|1
ATAATAGCCAACGGGAAAGGTTTTTACATACTGTGAAGTTACCAAAGGGTACACAGTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3218_AOS|1
TTTAGAAAATAATAGCCAACGGGAAAGGTTTTTACATACTGTGAAGTTACCAAAGGGTACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2669_AOS|1
GATGCAGCAAAATGAATGGCAAGTACGAACTGAAAGTGAAATAATATCTAATTCTGTTACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt980_AOS|2
TACTGGAGGCAGCAAAAACATTACTGCAACCACATTGTGAATACCTGCAAAATTATAAATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt903_AOS|1
ATTAACAAGACCATTTCATAAGTAATAAAAGCTGTTGCTGCAGTTGGATAGCGGGGATATT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7811_AOS|1
ATGTGTGCTTTGGTGCAAGTTATATTTTGTGACTAATATTTTTTACAGACCTGTGTGCAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt5310_AOS|1
CTACAGGACCTAGGTCCCATCTTTCATTTCTTCTATACCTTCTACAGTGTCTACAAAAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5272_AOS|1
AGATAATGCAATGTTACATACTACTTCTCATACAGGTTCTACAGGACCTAGGTCCCATCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1486_AOS|1
AAGATCCACAGTCACCTACTGCACAGCTAAAAACAGTATTACAGGCTAATAACCAAAAAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1479_AOS|1
GAGAATCAAGATCCACAGTCACCTACTGCACAGCTAAAAACAGTATTACAGGCTAATAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1471_AOS|1
TTGATAGTGAGAATCAAGATCCACAGTCACCTACTGCACAGCTAAAAACAGTATTACAGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1267_AOS|1
AAGAGCTCCCGGTAAACATATGCAATAAACAGGCAAGAACAAACGTGTATTTCAGTACCAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1260_AOS|2
ACACTACAAGAGCTCCCGGTAAACATATGCAATAAACAGGCAAGAACAAACGTGTATTCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt1247_AOS|1
GGAACAAAGGGTAACACTACAAGAGCTCCCGGTAAACATATGCAATAAACAGGCAAGAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1237_AOS|1
GCGTACATAGGGAACAAAGGGTAACACTACAAGAGCTCCCGGTAAACATATGCAATAAAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7864_AOS|1
AATACCCATTGTTTGGGGCATATAGTTGTGCTGACTATGTTTCGCCTAAGTACGTTTTTGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt7842_AOS|1
ATACATGTGTTACTCACCGTGCAATACCCATTGTTTGGGGCATATAGTTGTGCTGACTAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6548_AOS|1
CAGAGCCATTGGTGATCGCATGTTTTCTTGCGCCGAGAGCAATGTTTAAAGACATTTTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5507_AOS|1
ATTATTCCAATGATACTGTCATTCAACCTACTTCTGTGTCCAGCAGGCCTACACCTACTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4272_AOS|1
TTTAGTGTGTTGGTGTGCTTATGTTGCTTCTGTTTTTGTACGGTTGATGCAGTAGGTACC
>HPV71_Alpha_12084981_nt4035_AOS|1
TTTTTGTACTGTGTTTCTTGGGTTTCTAGCACTATATATACAGGCAGCAGCGTCCCTTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4028_AOS|1
TTAATTTTTTTTGTACTGTGTTTCTTGGGTTTCTAGCACTATATATACAGGCAGCAGCG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3186_AOS|1
TTACACGATGGGATACGTGTAGACTGTGTATTATTCTCCAAGGAAGCAGTAATATATGGG
>HPV107_Beta_126131393_nt7432_AOS|1
ATTATATATCGCTGTGCGGTGCCAAACAAGACAAAGACTTGGCTGGATCTCGAGGAAACAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6610_AOS|1

CAACTAATCAAGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCTT
>HPV107_Beta_126131393_nt5546_AOS|1
CTACCACTTCTGTCACTGTACCCAGATTTAGTTCTCCAAGGGAACTACTTTATATGTGC
>HPV107_Beta_126131393_nt5407_AOS|1
AGTACACTGGTGGATATTAATGTAAGGGATCTCCAGAATTGCTTGAAAGTTCTGAATTT
>HPV107_Beta_126131393_nt3976_AOS|1
AAGCACAAAGGAACTATAAGTATTTTAGTAGTACCTGGTCCTGGATAGGGGAACATAGT
>HPV107_Beta_126131393_nt3969_AOS|1
ACGCAAAAAGCACAAAGGAACTATAAGTATTTTAGTAGTACCTGGTCCTGGATAGGGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt901_AOS|1
TCTCTACGTTTTTGCAACCCATTTTGGCATTTCGGGCATTGCAGGATCTTTTGCTTCAAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt506_AOS|1
AAATCATTTTGAATTTTCAGGTTGTAGGTAAGCAGATTGAGGAGATCACTCAGCAAAGTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt295_AOS|1
TGGACAGGCCAAGGACAATCGTACAGCTTACACAGCATCTTAATATACCAGTGAAGACT
>HPV107_Beta_126131393_nt288_AOS|1
ATGCTCATGGACAGGCCAAGGACAATCGTACAGCTTACACAGCATCTTAATATACCAGTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt7808_AOS|1
CCCGTTTCGGTTGCTATGTTATTCATATTTTCTTATACTTTACAACAATGATACAGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4166_AOS|1
TTAATTGTTATTATTTTACTTTGGCTGTGCCACCGTGTTATGCAGTTTTAAAGTGCTTTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4151_AOS|1
ACTATTATTTTGCTTTTAATTGTTATTATTTTACTTTGGCTGTGCCACCGTGTTATGCAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3767_AOS|1
GTAAATGCTGTATTACTGAGCCATTTGTAACAATTGTGTATGTCTACATACCTGGCAAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt3715_AOS|1
CTTGGTAGTATGTCTATGGTTATGTAAACAGTACCCATTGTATATGTATAGTGTAATGC
>HPV84_Alpha_12958167_nt3707_AOS|1
TAGCCACACTTGGTAGTATGTCTATGGTTATGTAAACAGTACCCATTGTATATGTATAGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3700_AOS|2
GGCATTGTAGCCACACTTGGTAGTATGTCTATGGTTATGTAAACAGTACCCATTGTATAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3622_AOS|1
AAAACATCATATGTAACACTATGGTATAAAAGTACGGACCAACGCAAACAGCTCTTGGCA
>HPV84_Alpha_12958167_nt2433_AOS|1
TTTAAATACTTACGCAGCCGAATGGTTATTTTCCCTTTTTTAAACAAGTGCCCACTGGAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt2426_AOS|1
TGACACATTTAAATACTTACGCAGCCGAATGGTTATTTTCCCTTTTTTAAACAAGTGCCC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5486_AOS|1
CCTACAGCATCTACAAAGGTGTGCGCCACGTCCATACTATCCTCTTCCCATTATGACAAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6572_AOS|2
CCCTGACACCTATTTTTTGAAGGGGGCGTCTGCGCCCTAGGGCCTCTTTAAGCAGTTA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3861_AOS|1
ACATTGGTGTAACCTGTATGTAACCTAGCTGTATAATACATTTTGCATACCTGACATATAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3854_AOS|1
ACTGTATACATTGGTGTACCTGTATGTAACCTAGCTGTATAATACATTTTGCATACCTGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3845_AOS|1
GTGCATAATACTGTATACATTGGTGTACCTGTATGTAACCTAGCTGTATAATACATTTTG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt2525_AOS|1
AGGCAGATGACAGTTTAAAGTATTTACGGAGCAGAATGGTGGTGGTTTCCGTTTCTACACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7927_AOS|1
TTACAAACGTGTTAAACATTCTACTCCGGTCCCTATGTCTCATGGTTTTATAGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7920_AOS|2
AAGCCCTTTACAAACGTGTTAAACATTCTACTCCGGTCCCTATGTCTCATGGTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7261_AOS|1
TACCTCGACCCCCGCCCTACTAAACGTAAAAAGCGCAAAAAGTAACATGTCATACTGTT

>HPV72_Alpha_1491683_nt7254_AOS|1
CAAGCTCTACCTCGACCCCCGCCCTACTAAACGTAAAAAGCGCAAAAAGTAACATGTCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6830_AOS|1
GCCACAGCGTCCTCTGTATCAGAATATACAGCTTCTAATTTTCGTGAGTATCTTCGCCAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5628_AOS|1
CATTGATTTGTCTTTGCTCCTGCCCCGTGTACCTACAATGCCTCTTGTACCCCTCTACGCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt5497_AOS|1
CGTGCTTCTGTGTCTTCTACATCATTGCACAGCCCGTCCCTGTCTGCAGCGTCTGCTGTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5398_AOS|1
TCATCTGATACTATTGAAATGCAATCCTTGGCCTCCTCTACGCAGCCAGACATAACATAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4200_AOS|2
ACGGATGGGGGTGCATTAATTGTACTACGAGACGATAATTGTGGATTGTGGTTCTTCTTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt128_AOS|1
AATATTTGGTTGCTGTGCAAGGAAATTGAGGTGGACCTAGAAGATTTACGGATTACCTGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt7206_AOS|1
TTATATGTGTGTTGTGTGGGTGGTTTACTTGACTACTGTGCTTCCATTTTGTATAGTCGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6277_AOS|1
CTGGTGATACCGGTGATAAAATCCCAGATGACCTAATGATTAAAGGCACAGGCAATACTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt4315_AOS|1
AGGCACACCATCTAAACCAGTTGAAATTCCATTACAACCTATACGACCATCAGTTGTTAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt4308_AOS|1
TATCTACAGGCACACCATCTAAACCAGTTGAAATTCCATTACAACCTATACGACCATCAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt4300_AOS|2
CGTTCCATTATCTACAGGCACACCATCTAAACCAGTTGAAATTCCATTACAACCTATACG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1319_AOS|1
ACAAAATGTTAATGAAGAAGGCAACCAAATTTGTGTCGCCACGTGAAAGCAGTAGTGGGTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt1311_AOS|1
GGGTGTTTACAAAATGTTAATGAAGAAGGCAACCAAATTTGTGTCGCCACGTGAAAGCAGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt1304_AOS|1
AGGGGTAGGGTGTTTACAAAATGTTAATGAAGAAGGCAACCAAATTTGTGTCGCCACGTGA
>HPV73_Alpha_1491692_nt1295_AOS|1
ACTTGGGGCAGGGGTAGGGTGTTTACAAAATGTTAATGAAGAAGGCAACCAAATTTGTGTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt734_AOS|1
CACAGTATGCCTTGCCATTGAAAGCAACAAAGCTGATTTAAGAGTGATAGAAGAGTTGCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7836_AOS|1
ACTCGGTCGCTGTATTATTCATAGTTCCCTTCTTTATACTTAACAACAATCATGTAGTTAA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6700_AOS|2
TAGTGCCGCTACCCAGAAGGCCTCTGAATATGACCCCTCTAAGTTTAAATGAATATCTAAG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5377_AOS|1
TCCACCACGCTGTATCCTCTGCTACAGTGTCCGCCACATCTATGGTATCTTCCACATAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5368_AOS|1
TCATTGCATTCCACCACGCCTGTATCCTCTGCTACAGTGTCCGCCACATCTATGGTATCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5344_AOS|1
ATATTACAGGAGCCTTCCGTTCCCTCATTGCATTCCACCACGCCTGTATCCTCTGCTACA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5337_AOS|1
ATCCTCTATATTACAGGAGCCTTCCGTTCCCTCATTGCATTCCACCACGCCTGTATCCTC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5329_AOS|1
ACACACCTATCCTCTATATTACAGGAGCCTTCCGTTCCCTCATTGCATTCCACCACGCCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5322_AOS|1
AGATGATACACACCTATCCTCTATATTACAGGAGCCTTCCGTTCCCTCATTGCATTCCAC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt1560_AOS|2
AGCAGAGAAAACCGTAGCAAAGTGCCTAGGAACCATACTAAATATTCCAGAAAAGCGTATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6130_AOS|1
AGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAAATGGGATCTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5089_AOS|1

CCTGGCGCAGCAATAAAAGCTTTTGTAGATGATTATGCAGATATTATAGTTTCATATCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5024_AOS|1
GTAATAGTCACTTATTTGTGCATTTTGAGGAAGAGGATGAACTTATATCTGTTCTACTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4847_AOS|1
TTAGTGCAATTGAACCTATAGAGCCTGATGTTATTGAGCTTTCTAATTTAGGGGAGTTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4540_AOS|2
TATAATCGTTACATTCAACAAATCAGAACAGACAATGTTGACTTTTTTAACCCGGCCTTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4533_AOS|1
AAGCTTATATAATCGTTACATTCAACAAATCAGAACAGACAATGTTGACTTTTTTAACCCG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4526_AOS|1
GGGCCAGAAGCTTATATAATCGTTACATTCAACAAATCAGAACAGACAATGTTGACTTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3715_AOS|1
CCTTGATTCATTGTAACCTATGTATAAAACCAGAAAGTAAACGTGACACTGCTGAGAATTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3683_AOS|1
TTGCCAAAGGGTACAACCTACGCATTTGGTTACCTTGATTCATTGTAACCTATGTATAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2902_AOS|1
GTACTTTGATAATGATCGAGAAAACAGCTTCCCTACACACAATGGGAACATATTTATTA
>HPV110_Beta_186461194_nt5522_AOS|1
ATCTAGAGACAACACTGAAATTATACTCCCACTACCTGATACTCCAACGTGGTGCATACA
>HPV110_Beta_186461194_nt5286_AOS|1
GACGAGCCAGATCCTTTAAATGTTGGGCAGTTTGAATCAATGGAAATAGAAGAACCAGAT
>HPV110_Beta_186461194_nt5279_AOS|1
TAATATAGACGAGCCAGATCCTTTAAATGTTGGGCAGTTTGAATCAATGGAAATAGAAGA
>HPV110_Beta_186461194_nt760_AOS|2
GCGACTTCGGCTTTTTTGTGCTTGCAACAGTTTTTGGGAATTCGTACTCAGCAAGAAATTTT
>HPV110_Beta_186461194_nt495_AOS|1
GATCTAATAGAGAAGCTAGAAGTTTGTGTAAGCATCAGCAATTTTCATAGGGTAAGAGGC
>HPV110_Beta_186461194_nt413_AOS|1
AAATGGACGTGAAATAGAAATAGTAGAGCAAAAAGGAATTGGGGAAGTGGTTGTGCGTTG
>HPV110_Beta_186461194_nt406_AOS|1
ATTCTGTAAATGGACGTGAAATAGAAATAGTAGAGCAAAAAGGAATTGGGGAAGTGGTTG
>HPV110_Beta_186461194_nt399_AOS|1
TATGAACATTCTGTAAATGGACGTGAAATAGAAATAGTAGAGCAAAAAGGAATTGGGGAA
>HPV110_Beta_186461194_nt389_AOS|1
TACAAGGTTTTATGAACATTCTGTAAATGGACGTGAAATAGAAATAGTAGAGCAAAAAGG
>HPV110_Beta_186461194_nt198_AOS|1
CAACAGCTTGCAGATACATTATGCATTCTGTTTTAGACATATTAATACCGTGTAGATTT
>HPV111_Beta_186461202_nt5484_AOS|1
AATATTATTTTTTCTCATCCAGAAGCTCCCACAGTTGTGATTCACATATCAGATACTTCT
>HPV111_Beta_186461202_nt5258_AOS|1
CAGACCGGAAACCCCTCCATTAGAAGATGAAATAGATTTTAATTCAGAAGATTTGTTATT
>HPV111_Beta_186461202_nt2691_AOS|1
TCAGATTGAACATTGGCAAGCATTGAGACAAGAGCAAGTTTTATTGTACTTTGCTCGAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt1951_AOS|1
TTATATTCGAGGGGAGATGCGAGAGATGAGTATGTCAACTTGGATTCACAAACAATTATT
>HPV111_Beta_186461202_nt1589_AOS|1
CGATTATTAAGCACAAATATTACAAGTATCAGAAGTGCAGGTATTGGCAGATCCTCCTAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt487_AOS|1
AGAGAAGCTAGGAGTGTGCTACAAACAACAATATTTTCATAGAGTTAGGGATAATTGGAA
>HPV111_Beta_186461202_nt480_AOS|2
ATCTGGTAGAGAAGCTAGGAGTGTGCTACAAACAACAATATTTTCATAGAGTTAGGGATA
>HPV111_Beta_186461202_nt399_AOS|1
TAGGAAAACAGATAGAACTGTAGCAAAACAGCCTATTGGAAATATTACTGTTAGGTGTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7261_AOS|1
TATAATCTGCTTATAAATCGCAGCCGGTACTTCACCTTACAAAGACTTGGCAGTCTGTCT

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5141_AOS|1
TACAGGGACCTTAGTACAATTAACACTGAGGAGCCCATAGAATTACAACCTTTAGGAGAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3791_AOS|1
TAAAGGCATAAGGGTGGCTACAAATATGTCAGTAGTACTTGGTCATGGATCACAGAACA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3784_AOS|1
GGGTGCATAAAAGGCATAAGGGTGGCTACAAATATGTCAGTAGTACTTGGTCATGGATCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1776_AOS|1
AAACTATGATTAGCCATCAATCTTTGGAGGCCACGCAATTTTCTTTATCTGACATGATAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1644_AOS|1
AAGTAAATGAAATTCAAACATTGTCTGAACCACCTAAGTGGCGTAGTGTAATAGCGGCAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1626_AOS|1
TACTATCTTCTATTTTGCAAGTAAATGAAATTCAAACATTGTCTGAACCACCTAAGTGGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt129_AOS|1
TTACTTGAAGAATATTAGAGACACATATACTGATGGAGAGGCCTAGAACAGTACAAGTTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt122_AOS|1
TATAAAATTACTTGAAGAATATTAGAGACACATATACTGATGGAGAGGCCTAGAACAGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7701_AOS|1
GATTTTCGGTCGTGTTTGGCAACGTAGGTATTGTGTCAGCATAATTGCAAGGTTACATTGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7596_AOS|1
TTTGTGTTATGAATGTCCAGCGTTGGGGCAGCGTTGGGGTTTAGGTCTGGTGGTAGTCAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7586_AOS|1
TCTTTCTGTGTTTGTGTTATGAATGTCCAGCGTTGGGGCAGCGTTGGGGTTTAGGTCTGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7579_AOS|1
ATGTGTTTCTTCTGTTTGTGTTATGAATGTCCAGCGTTGGGGCAGCGTTGGGGTTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5992_AOS|2
ACTGGCTGTGGGCCACCCTTTTTTCTTATATAAAAAATAATTCTGGTAAAGTAATTGTTCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt3950_AOS|1
CCTTGATATATTGCTTGTATAGTGGAACCTGTTACTGTGACGTTAAGGGTGTGTAACACTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt3605_AOS|1
AGTAGAGACCCACGAATCATCCCTAAGCATTCGAACCACAACCAAGGAGGGCACAGTGGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt3595_AOS|1
GCCATTGGACAGTAGAGACCCACGAATCATCCCTAAGCATTCGAACCACAACCAAGGAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt3588_AOS|1
GAGGAGAGCCATTGGACAGTAGAGACCCACGAATCATCCCTAAGCATTCGAACCACAACC
>HPV91_Alpha_22023568_nt3581_AOS|1
ACTGTTGGAGGAGAGCCATTGGACAGTAGAGACCCACGAATCATCCCTAAGCATTCGAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7658_AOS|1
CACTTTACACAAAGACTTGTAATCTTTTATACTTCCTGCGTAGGCGGCTACATGTTCCAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7642_AOS|1
TGTTATGGCGCCATGCCACTTTACACAAAGACTTGTAATCTTTTATACTTCCTGCGTAGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7555_AOS|1
ATGAGATATGTATTCGGCCATTTCCCTTTCCACCCAGCGTCCATTTTGAGTTCAGCGACC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7547_AOS|1
TGCGCCCTATGAGATATGTATTCGGCCATTTCCCTTTCCACCCAGCGTCCATTTTGAGTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6560_AOS|3
GGACCTGCCAAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5480_AOS|2
ATACCACCTTTTCTGGCCCGACCGTTACTGCTACATCTGCTGTATCGTCTCAATACACAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4329_AOS|1
ATACAATAAATACATTGTTGCAATGACCCACCCTGTGCGGCGTCGTAAACGGGCTTCGGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt307_AOS|1
TATGCTGTAAGCCGTTAGGCAGCCAGGAAAAAGGACTATATGGTGTATTTTAACGAGCGAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt62_AOS|1
AGAGGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGGAGCTTACAACATCAGAAGTGCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt55_AOS|1

TGGATTTAGAGGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGGAGCTTACAACATCAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt7261_AOS|1
CCCTCTACCGCCCCCTCTACAAAACGTAAACGGTCCAAACGTTCCCTAAGCATGTTATGTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt7254_AOS|1
TCCCGCACCTCTACCGCCCCCTCTACAAAACGTAAACGGTCCAAACGTTCCCTAAGCATG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6603_AOS|1
AATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCTACCTCTCGTGGCACTCCTACAAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6596_AOS|1
GCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCTACCTCTCGTGGCACTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5543_AOS|1
GACTGCATCGTCTGCCCTATCATCTGCAGCATCCAATACCACTGTGCCTCTATCTACAGG
>HPV90_Alpha_22138122_nt3920_AOS|1
TATTGTATTCCCTTACTGTGTTTCTAGGCCTCCTGATCATATACATACAGGCGTTGCAGTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt3679_AOS|1
CTTCCTATCAACCATAACCTTACCTAAAGACATTGAAGCAGTACTGGGGTACATGACTAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt3671_AOS|1
AGGGCAACCTTCCATCAACCATAACCTTACCTAAAGACATTGAAGCAGTACTGGGGTAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt3664_AOS|1
GGAACAAAGGGCAACCTTCCATCAACCATAACCTTACCTAAAGACATTGAAGCAGTACT
>HPV90_Alpha_22138122_nt1277_AOS|1
AATCAGGTACAGATGCTATCCTGTCTCTGCTTAAACAAGTAACCTAAGGGCCACATTAC
>HPV58_Alpha_222386_nt7059_AOS|2
TTAAAGCAAAGCCCAGACTAAAACGTTTCGGCCCCCTACTACCCGTGCACCATCCACCAAAC
>HPV58_Alpha_222386_nt5506_AOS|1
ATGTCTAGTCCATTTATTCCTATATCTCCACTAACTCCTTTTAATACCATAATTGTGGAT
>HPV58_Alpha_222386_nt5486_AOS|1
TTGCATCTTCTGTAACATCTATGTCTAGTCCATTTATTCCTATATCTCCACTAACTCCTT
>HPV58_Alpha_222386_nt5449_AOS|1
GACACTCCTCTTGTGTCAATTGGAACCTGGTCCAGACATTGCATCTTCTGTAACATCTATG
>HPV58_Alpha_222386_nt5351_AOS|1
CTGATACTATACATGATTTTTCAGAGTCTCTGCACTCACATACGTCCCTTGGCCACCACAC
>HPV58_Alpha_222386_nt5219_AOS|1
AAGACTTAAGTCCCATACAGCCTGTCCAGGAACAGGTACAACAGCAGCAACAATTTGAAT
>HPV58_Alpha_222386_nt5210_AOS|1
ATTACTACCAAGACTTAAGTCCCATACAGCCTGTCCAGGAACAGGTACAACAGCAGCAAC
>HPV58_Alpha_222386_nt5203_AOS|1
AAAGTACATTACTACCAAGACTTAAGTCCCATACAGCCTGTCCAGGAACAGGTACAACAG
>HPV58_Alpha_222386_nt3460_AOS|2
AGAGACAACACCCAGTACTCCACAAAGTATACAGACTGCGCCGTGGACAGTAGACCACGA
>HPV58_Alpha_222386_nt3444_AOS|1
CGATTTACCAGACTCCAGAGACAACACCCAGTACTCCACAAAGTATACAGACTGCGCCGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7051_AOS|1
ACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGGAAACGATAGCATGCTTTTGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7044_AOS|1
GGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGGAAACGATAGCATGC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7037_AOS|2
AGCGTTTCGGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGGAAACGAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7030_AOS|1
GGTAAAAAGCGTTTCGGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt4705_AOS|1
CTGTTATACAGTCTCAACCCCCGTAGAGGCTGGTGGTCATGTGCTGATTTCTCTCTCTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt4698_AOS|1
GACCCTTCTGTTATACAGTCTCAACCCCCGTAGAGGCTGGTGGTCATGTGCTGATTTCC
>HPV74_Alpha_27462483_nt4683_AOS|1
AATCCCTCGTTTACTGACCCTTCTGTTATACAGTCTCAACCCCCGTAGAGGCTGGTGGT

>HPV74_Alpha_27462483_nt4142_AOS|1
TCAAGGGTGTAACGCCTTCTGTATGCAGTAAATAAGTGTTTTTATACATGCTGTGTATGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt2989_AOS|1
TTTATATATATACTGGACGGCGACGAATGGGTAAAGGTGGAAGGACAAGTTGACTATAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt5260_AOS|2
TACGTTTCGTAAATATTGATTTGGAAGAGTTACCTAATTTAGAGGAAAATGTACACCTAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt5154_AOS|1
ATTTTTTTTAGGGATATTAGCAGTATTGATACTCAACCTTCTATTGAACTGCAAGTTCTTG
>HPV92_Beta_27531786_nt3875_AOS|1
GAATAGGACGCTCTAGAATGATTATTAGCTTTACCAGTAAATCTCAAAGACAAATGTTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3868_AOS|1
AACGATAGAATAGGACGCTCTAGAATGATTATTAGCTTTACCAGTAAATCTCAAAGACAA
>HPV92_Beta_27531786_nt3041_AOS|1
TTATGGATGGATTAAATAAACAATACTATATCAGATTTGCTCAAGACGCACGCAGATTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt3033_AOS|1
TGCCTATTTTATGGATGGATTAAATAAACAATACTATATCAGATTTGCTCAAGACGCACG
>HPV92_Beta_27531786_nt354_AOS|1
ATAGAAAGGGACTCAGGTAGTCTTTTGTGTTGTTTAACTGTTAGATGTAAGTTTTGTTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt308_AOS|1
AGAAACAAAACATTTTTATGAGTATAGTGTAAGGAAAGGATGCTATAGAAAGGGACTC
>HPV75_Beta_2911544_nt3900_AOS|2
ATCCAAACATACTAAAATGCTTTAGGTACAGAGACAAGAAAAACAGAAAGGGATTGGTTA
>HPV75_Beta_2911544_nt7200_AOS|3
CAAATTCCTTTTTCAGGCAGGCTTACGAAGGGCTTCCAAGGTAACCAGAACAGCCAGTGT
>HPV75_Beta_2911544_nt4776_AOS|1
ATTGGGGGAGTCTGCATTATCAGACCAAATCGTGGTCACCAATGGCTCTGGTGGGCAAGC
>HPV75_Beta_2911544_nt3889_AOS|1
TTTAAGAGGCGATCCAAACATACTAAAATGCTTTAGGTACAGAGACAAGAAAAACAGAAA
>HPV75_Beta_2911544_nt471_AOS|1
ACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTTGTCTGAAACGTTTGGATATATTTGAAAACT
>HPV75_Beta_2911544_nt464_AOS|1
AAAGTATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTTGTCTGAAACGTTTGGATATATTTG
>HPV75_Beta_2911544_nt457_AOS|1
GCAGCAGAAAGTATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTTGTCTGAAACGTTTGGAT
>HPV76_Beta_2911551_nt4801_AOS|1
AACACTAGGGGAATCCGCATTGTCAGACCAAATTGTAGTTACCAGTGGCTCAGGTGGCCA
>HPV76_Beta_2911551_nt3933_AOS|1
ATGTGTTGAAATGCTTTAGATACAGAGATAAAAAAATAAGAAGGGATTAGTAAATGTT
>HPV76_Beta_2911551_nt471_AOS|1
AGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTTGAAACGCCTGGATTTATTTGAAAACT
>HPV76_Beta_2911551_nt464_AOS|1
AAAATATAGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTTGAAACGCCTGGATTTATTTG
>HPV76_Beta_2911551_nt457_AOS|1
GCTGCAGAAAATATAGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTTGAAACGCCTGGAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6600_AOS|2
TCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCGGCAGTGCTATATA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6593_AOS|2
ACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCGGCAGTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt5590_AOS|1
TATCTCCGGTGGATGTGCATTTACACACTGGCCCCGACATTGTTTTGCCTTCTTCTGCAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5583_AOS|1
CCATTTATATCTCCGGTGGATGTGCATTTACACACTGGCCCCGACATTGTTTTGCCTTCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt5489_AOS|1
GAACAGTGGTCGAATCTTACCTCTTTTGGGGGTGCGGGTGCATCGTCCCTCCCTCCCTTC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5482_AOS|1

CCTTTACGAACAGTGGTCGCAATCTTACCTCTTTTGGGGGTCGCGGTGCATCGTCCTCCC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5474_AOS|1
TGACGTGGCCTTTACGAACAGTGGTCGCAATCTTACCTCTTTTGGGGGTCGCGGTGCATC
>HPV77_Alpha_2911558_nt346_AOS|1
CTACGTGGACGGCGTGGAGGCAGAAACAAAAGAATCCATAGATACCCAGCAAATCAGATG
>HPV77_Alpha_2911558_nt327_AOS|1
AACACTGGGAGTATTCATACTACGTGGACGGCGTGGAGGCAGAAACAAAAGAATCCATAG
>HPV80_Beta_2911565_nt3917_AOS|1
GGACGTTACGGATGTTACTTGCATTTACTTCAAACACTGAGAGACAGCTTTTTATTAAAC
>HPV80_Beta_2911565_nt5460_AOS|2
GGTAATGCAAGGCGTAGTACTACTACATACACAGTTCCTCGATTTGAGTCTCCTAGAAAT
>HPV80_Beta_2911565_nt5453_AOS|1
AGTATTTGGTAATGCAAGGCGTAGTACTACTACATACACAGTTCCTCGATTTGAGTCTCC
>HPV80_Beta_2911565_nt3927_AOS|1
GGATGTTACTTGCATTTACTTCAAACACTGAGAGACAGCTTTTTATTAAACATAATGAAAT
>HPV80_Beta_2911565_nt1628_AOS|1
TATTAAGATTGCTAACTAATCTTTTGCAAGTATCAGAAGTACAAATAATAGCTGAACCGC
>HPV80_Beta_2911565_nt1489_AOS|1
GTGTATGCTGTACAAGACGAAGTATTAGAAAGTTCCAAACAACTTTTAATTCAGCATTGT
>HPV80_Beta_2911565_nt1482_AOS|1
ATTAAGTGTGTATGCTGTACAAGACGAAGTATTAGAAAGTTCCAAACAACTTTTAATTCA
>HPV80_Beta_2911565_nt448_AOS|1
TGGGAGATTGAGGTAGTTGAGCGAAAAGCTGTTGGAGACATTACTATTCGTTGCAAATTT
>HPV80_Beta_2911565_nt440_AOS|2
TGTGTGGTTGGGAGATTGAGGTAGTTGAGCGAAAAGCTGTTGGAGACATTACTATTCGTT
>HPV80_Beta_2911565_nt311_AOS|1
AGTTAGTAAGTTTTGATCGCAAATGTTTGCAGTTGATTTGGACTGAAGAAGACTTTGTCT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6990_AOS|3
TATATCTAGTGAAAATCAAGATATACAGCAAATACAATCATATGACTCACAAAAGTTTAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5521_AOS|1
CGACCATCATACAAGGTACTGTGGAAAGTACGTTTCATAGACATGGATACAGCAGAAAATC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5122_AOS|1
TTGGCAGGCGTAGGGGGCCTTCTCTAACAAATAGAAGGTTAGTTCAGCAAGTACAAGTAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5110_AOS|1
GAGCACTATCCATTGGCAGGCGTAGGGGGCCTTCTCTAACAAATAGAAGGTTAGTTCAGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5095_AOS|1
GCACACCACTTCAAAGAGCACTATCCATTGGCAGGCGTAGGGGGCCTTCTCTAACAAATA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5087_AOS|1
GCGCAGTAGCACACCACTTCAAAGAGCACTATCCATTGGCAGGCGTAGGGGGCCTTCTCT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3798_AOS|1
AAAGAGGAAGTAGGAGCTGTAGGGGTGCGGTAGGGGAACAGGAAAGCGACGGGGTAGAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3625_AOS|1
GAGTCGGAGGTCAGAATCCAGATCACAATCCCAGAAGTACCTCCAGCCGAAGGCAGGTCG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3618_AOS|1
AGACTAGGAGTCGGAGGTCAGAATCCAGATCACAATCCCAGAAGTACCTCCAGCCGAAGG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3610_AOS|1
GGTCTCCAAGACTAGGAGTCGGAGGTCAGAATCCAGATCACAATCCCAGAAGTACCTCCA
>HPV65_Gamma_312100_nt6175_AOS|2
TTCTTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATAGGCACTC
>HPV65_Gamma_312100_nt6168_AOS|1
TACTGGATTCTTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATA
>HPV65_Gamma_312100_nt5090_AOS|1
CCACTATTCCTCCTGGTTTAGGCTTGAGAATTTATGTTGATGATGTAGGCTCCGATTTAT
>HPV65_Gamma_312100_nt5079_AOS|1
ATTCAGTATCCCCACTATTCCTCCTGGTTTAGGCTTGAGAATTTATGTTGATGATGTAGG

>HPV65_Gamma_312100_nt5072_AOS|1
GATCTTCATT CAGTATCCCCACTATTCTCCTGGTTTAGGCTTGAGAATTATGTTGATG
>HPV65_Gamma_312100_nt5038_AOS|1
AACTCTCACTTGGTTTTTA ACTAGCAGTAGACGTGGATCTTCATT CAGTATCCCCACTATT
>HPV65_Gamma_312100_nt5031_AOS|1
TTTTAGCAACTCTCACTTGGTTTTTA ACTAGCAGTAGACGTGGATCTTCATT CAGTATCCC
>HPV65_Gamma_312100_nt3680_AOS|2
AGACTCATTTGTTAAACACAATCTATTCCC AAACTCTGTACATATACCTATGGTTCCTT
>HPV65_Gamma_312100_nt350_AOS|1
AATTTGGAAGAAGTAGCTCAAAGGAAAATTAAGGAGATTTGCATCAGATGTATATGTTGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7475_AOS|1
TCTAGGTTTCTTGCCAACATTGTTAATCTTTGTCTTCCTGCAGTGCAATGCCTTTACTTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt7466_AOS|1
TTTTGGTATTCTAGGTTTCTTGCCAACATTGTTAATCTTTGTCTTCCTGCAGTGCAATGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7459_AOS|1
CATAGGGTTTGGTATTCTAGGTTTCTTGCCAACATTGTTAATCTTTGTCTTCCTGCAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5406_AOS|1
TAGTGGTTTTGATTTTCCATTTTCTCTACTGTACCATTACAGCCAGGTCCCGATATTGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5381_AOS|1
CCACCAATGTTACTGTCCCTTAAGTAGTGGTTTTTGATTTTCCATTTTCTCTACTGTAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5370_AOS|1
TAGTCCTCAGACCACCAATGTTACTGTCCCTTAAGTAGTGGTTTTTGATTTTCCATTTTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5363_AOS|1
CATTACATAGTCCTCAGACCACCAATGTTACTGTCCCTTAAGTAGTGGTTTTTGATTTTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5356_AOS|1
TCCTATT CATTACATAGTCCTCAGACCACCAATGTTACTGTCCCTTAAGTAGTGGTTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5349_AOS|1
ATCAATATCCTATT CATTACATAGTCCTCAGACCACCAATGTTACTGTCCCTTAAGTAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5316_AOS|1
ATATATGGATCCTGACACACCCTTTCCACAGCCATCAATATCCTATT CATTACATAGTCC
>HPV11_Alpha_333026_nt4950_AOS|1
ATATCTGCCCCAACAATAACATCCCAACATGTAGAAGACATTCCACTAGACACTTTTGT
>HPV11_Alpha_333026_nt4942_AOS|1
ACATACTTATATCTGCCCCAACAATAACATCCCAACATGTAGAAGACATTCCACTAGACA
>HPV11_Alpha_333026_nt4934_AOS|1
CAGTGGTCACATACTTATATCTGCCCCAACAATAACATCCCAACATGTAGAAGACATTCC
>HPV11_Alpha_333026_nt4852_AOS|1
CCAATCACA CTACTACTAGTGTGTTTCAAAATCCCCTGTTTACAGAACCGTCTGTAATAC
>HPV11_Alpha_333026_nt4343_AOS|1
AATGGAGATTATGTGTACATGA ACTAGAGTAAACCTTTTTTATACAGTGTGTGGTGTACG
>HPV11_Alpha_333026_nt4258_AOS|1
ACATGGTACTGAAAAAACTAAATGTGCTAAGTGTAATCAAACCGCAATACTACTGTGGA
>HPV11_Alpha_333026_nt3126_AOS|1
ACATATATACCTGCAGGACAACGACTCATGGGTAAAAGTAACTAGTTCCGTAGATGCCAA
>HPV11_Alpha_333026_nt446_AOS|1
AAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAACTAAATAACCAGTGGAAGGGT
>HPV11_Alpha_333026_nt439_AOS|1
AATAGAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAACTAAATAACCAGTG
>HPV11_Alpha_333026_nt425_AOS|1
AAGCCGTTGTGTGAAATAGAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7740_AOS|2
TTTTGTAGATTATCTATATCCTTGATTGCAGTGTGGCTTTTGCACATGTTTAACTGCC
>HPV31_Alpha_333048_nt7529_AOS|1
AGTTCTGCGGTTTTTGGTTTTCTGAATACTAGTTTTTGCCAACATTCTGGCTTGTAGTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7421_AOS|1

TTTTTGCAACTAAAGCTACTCCATTTTGATTTTATGCAGCCATTTTAAATCCCTAACCGT
>HPV31_Alpha_333048_nt7414_AOS|1
GGTCCGTTTTTTGCAACTAAAGCTACTCCATTTTGATTTTATGCAGCCATTTTAAATCCC
>HPV31_Alpha_333048_nt7407_AOS|1
TACACCCGGTCCGTTTTTTGCAACTAAAGCTACTCCATTTTGATTTTATGCAGCCATTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7400_AOS|1
AAAGTTGTACACCCGGTCCGTTTTTTGCAACTAAAGCTACTCCATTTTGATTTTATGCAG
>HPV31_Alpha_333048_nt7330_AOS|1
TACTTGTTCCCTGCTCCTCCCAATAGTCATGTACTTATTTCTGCCTATAATTTAGGTGTCA
>HPV31_Alpha_333048_nt7322_AOS|1
CTTGTTCCCTACTTGTTCCCTGCTCCTCCCAATAGTCATGTACTTATTTCTGCCTATAATTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7309_AOS|1
ACTATTGTTCCCTACTTGTTCCCTACTTGTTCCCTGCTCCTCCCAATAGTCATGTACTTATTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7299_AOS|1
TATTTTATAAACTATTGTTCCCTACTTGTTCCCTACTTGTTCCCTGCTCCTCCCAATAGTCAT
>HPV33_Alpha_333049_nt5467_AOS|1
CATTTGTTCCCTATTTTCGCCTTTTTTTCCTTTTGACACCATTGTTGTAGACGGTGCTGACT
>HPV33_Alpha_333049_nt5459_AOS|1
ATCTAGCCCATTGTTCCCTATTTTCGCCTTTTTTTCCTTTTGACACCATTGTTGTAGACGG
>HPV33_Alpha_333049_nt3904_AOS|1
TTATTACGTCCTTTAATACTTTCCATTCTACCTATGCTTGGTTGCTGGTGTGGTATTG
>HPV33_Alpha_333049_nt3891_AOS|1
ATGCTTATCCTTATTATTACGTCCTTTAATACTTTCCATTCTACCTATGCTTGGTTGCT
>HPV33_Alpha_333049_nt1391_AOS|1
TGTGAGACAAATGTAGATAGCTGTGAAAATGTTACGTTGCAGGAAATTAGTAATGTTCTA
>HPV33_Alpha_333049_nt1384_AOS|1
AGTAAGCTGTGAGACAAATGTAGATAGCTGTGAAAATGTTACGTTGCAGGAAATTAGTAA
>HPV33_Alpha_333049_nt1377_AOS|1
ATTCAGAAGTAAGCTGTGAGACAAATGTAGATAGCTGTGAAAATGTTACGTTGCAGGAAA
>HPV33_Alpha_333049_nt1370_AOS|1
GGGGATGATTGAGAAAGTAAGCTGTGAGACAAATGTAGATAGCTGTGAAAATGTTACGTTG
>HPV33_Alpha_333049_nt170_AOS|1
AACTATACACAACATTGAACTACAGTGCGTGGAATGCAAAAAACCTTTGCAACGATCTGA
>HPV33_Alpha_333049_nt160_AOS|2
CATTTGGAGACAACATATACACAACATTGAACTACAGTGCGTGGAATGCAAAAAACCTTTGC
>HPV35_Alpha_333050_nt7790_AOS|1
TGTCCAACCGATTTGGATTACAGTTTTATAAGCATTTCTTTTTATTATAGTTAGTAACAA
>HPV35_Alpha_333050_nt7782_AOS|1
CACAGGTGTGTCCAACCGATTTGGATTACAGTTTTATAAGCATTTCTTTTTATTATAGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt7544_AOS|1
TAAACTTGATTCATCTTGAGTATTAGTCATTTTTCATACTTGTGGTCCACCCACACTTG
>HPV35_Alpha_333050_nt5390_AOS|1
ATGATATTCCCTATAACAGCAGGGCCAGACATTGTATTTAACTCTAATACTATTACTAACT
>HPV35_Alpha_333050_nt5379_AOS|1
AAGTAGTGGCTATGATATTCCCTATAACAGCAGGGCCAGACATTGTATTTAACTCTAATAC
>HPV35_Alpha_333050_nt5362_AOS|1
AATACTACTATACCATTAAAGTAGTGGCTATGATATTCCCTATAACAGCAGGGCCAGACATT
>HPV35_Alpha_333050_nt5168_AOS|1
GTATTACTGAAGATATAGAATTACAACCTTACAACATGTACCATCCTCTTTACCACATA
>HPV35_Alpha_333050_nt3942_AOS|1
ACTGTAGCAACCACTACTTGCTTTTGTTGTTTCTTGCTTTTGTATATACCTATGGATG
>HPV47_Beta_333062_nt7658_AOS|1
TTGTTATCGTTTTTGGCGATCACATTTGGCACCGCGGGCAGCTGTTTTGGCACTACAAGA
>HPV47_Beta_333062_nt7644_AOS|1
AAAGAAATTTAATCTTGTTATCGTTTTTGGCGATCACATTTGGCACCGCGGGCAGCTGTT

>HPV47_Beta_333062_nt6964_AOS|1
TCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAATTTT
>HPV47_Beta_333062_nt6954_AOS|1
TTTCAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGC
>HPV47_Beta_333062_nt6944_AOS|1
GAAATACAAATTTTCAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGG
>HPV47_Beta_333062_nt5758_AOS|1
CGGGACACTATTGATATTATTTACCCTACACCTGAATTACCTGTAGTTGTCATTTCACACC
>HPV47_Beta_333062_nt5540_AOS|2
ATATGGACATTGCTGAAAACCTTTTATCTGAAACAATAGATGCTTCATCTAATGATTTAC
>HPV47_Beta_333062_nt4972_AOS|1
GGACAAAGGATAGGCGGTGATATAACAGACGAAATTGAACTTACTGAGTTTCCAAGCAGA
>HPV47_Beta_333062_nt2934_AOS|1
GAGGCTATATATATGGTGTGTCAGTTAGAGTCGCTACAAAAATCAGCGTTTGCTTTGGAG
>HPV47_Beta_333062_nt2925_AOS|1
AGGGCCAAAGAGGCTATATATATGGTGTGTCAGTTAGAGTCGCTACAAAAATCAGCGTTT
>HPV8_Beta_333074_nt6929_AOS|1
AAATGGGGAACCTTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTCAGAGAATATCTGAG
>HPV8_Beta_333074_nt6913_AOS|2
TTTCAGTTTACACTGAAAATGGGGAACCTTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGT
>HPV8_Beta_333074_nt5718_AOS|1
AAATAATTTACCCTACACCTGATCTTCCGGTGGTAATAATCCACACACATGATAACAGTG
>HPV8_Beta_333074_nt5711_AOS|1
AATGAGGAAATAATTTACCCTACACCTGATCTTCCGGTGGTAATAATCCACACACATGAT
>HPV8_Beta_333074_nt5701_AOS|1
AAGTCGCAATAATGAGGAAATAATTTACCCTACACCTGATCTTCCGGTGGTAATAATCCA
>HPV8_Beta_333074_nt4842_AOS|1
AAATCATAACTGATTCCACACCTACACAAGGAGAAAGTTCTCTAGCAGACCACATTTTAG
>HPV8_Beta_333074_nt514_AOS|1
AGATAGACGTTAGGTGTCAAACTGCTTGTTCATTTTTTGGATATCATAGAGAAATTAGATT
>HPV8_Beta_333074_nt350_AOS|1
TGAGTTTGACAAAAAGAGACTGTGCCTAATTTGGAAAAATTACGTTGTTACTGCGTGTTG
>HPV8_Beta_333074_nt336_AOS|1
TTCTTAGAACTGTGTGAGTTTGACAAAAAGAGACTGTGCCTAATTTGGAAAAATTACGTT
>HPV8_Beta_333074_nt149_AOS|1
ATATATATTGTTACAATGCTGTGACTTGTGCAATTTTCCTAAGCAAATGGACGGGCAGGA
>HPV51_Alpha_333087_nt6553_AOS|1
GCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTAACTTTAAGCAATATATTA
>HPV51_Alpha_333087_nt7439_AOS|1
CAACTGCCAGTTGTTTTTGGCATAAACCATCATTTTTTTATGACATAGTGCATACATCCG
>HPV51_Alpha_333087_nt7397_AOS|1
TCGGTTTCGTGTACTTTTAGTATATTTGCCAAGTTTTAAACCACAACCTGCCAGTTGTTTTT
>HPV51_Alpha_333087_nt7333_AOS|1
TATTTAGTTATACTTTGTAGCTTCCATTTTGTACAGCTGCAGCCATTTTGAGTGCAACC
>HPV51_Alpha_333087_nt7316_AOS|1
ACAGTTTATATTTGTGCTATTTAGTTATACTTTGTAGCTTCCATTTTGTACAGCTGCAG
>HPV51_Alpha_333087_nt5906_AOS|1
AAATTCACGCATAGCAAATGGCAATGCACAACAAGATGTTAGAGATAACACATCTGTTGA
>HPV51_Alpha_333087_nt3729_AOS|1
AACATTTATAAAAACCATTAAGTACCCCCAAGTGTAACACTGTCATTGGGAATTATGAC
>HPV51_Alpha_333087_nt3722_AOS|1
AACGGGAAACATTTATAAAAACCATTAAGTACCCCCAAGTGTAACACTGTCATTGGGAA
>HPV51_Alpha_333087_nt3701_AOS|1
TTGTGTTTGACAGTGCACATCAACGGGAAACATTTATAAAAACCATTAAGTACCCCCAA
>HPV51_Alpha_333087_nt2540_AOS|2

ACAAGAGGATGCAAACCTAATGTATTTACATACAAGGGTAACAGTATTAAAGTTTTTTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt7478_AOS|1
GTATCTGGCCTGTTACCAGGTGCATTGGCCATGTTTCCTAACATTTTGCAAACCTATTCA
>HPV42_Alpha_333211_nt7090_AOS|1
TATGTACAATCAGAAGCTATTTCGCTGTCAGGCTAAGGTAACAACGCCAGAAAAAAGGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt5963_AOS|1
TGGTTGTTGGTCACCCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAGACATCTATCCCCA
>HPV42_Alpha_333211_nt5603_AOS|1
CCCTACATTACCTAGCATGTCTACACATTCTGCCAATACCACCATACCTTTTTTCGTTTCC
>HPV42_Alpha_333211_nt5035_AOS|1
TTGTATCTACAGATACAATAACACATTTACTAGTACTCCCATTCTGGCCCTCGGTTCGT
>HPV42_Alpha_333211_nt4856_AOS|1
AGATATCTCCCCCTCCCACTAATACTATACGTGTCACAACAACCTACATCTACCAATCCTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt4389_AOS|1
TTATATTGTGTGTACTTCTTTTGTGCTATTACAATGCCACCACAACGGTCCCGCAGACGA
>HPV42_Alpha_333211_nt4382_AOS|1
ACTTTTGTATATTGTGTGTACTTCTTTTGTGCTATTACAATGCCACCACAACGGTCCCG
>HPV42_Alpha_333211_nt4110_AOS|1
GTACTAACATACTTTGACTATTTTTTTCTATGTTTAATCATTCTTGGTATTCCTTCTGTC
>HPV39_Alpha_333245_nt7375_AOS|1
AAGGTGTGTTTACTACCTAATATGTAATTTTACATTGTTGTATGCGTTTCTACATTTTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6450_AOS|1
TTCCTGCCCCAATGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTGTAT
>HPV39_Alpha_333245_nt5491_AOS|1
TTACCAAGTACTACTCCACAGTTGCCATTGGTGCCTTCTGGACCAATAGACACAACATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt5377_AOS|1
AACACAGGCTCACTACCTTCTGTGGCTTCTTCAGCATCTACTAAATATGCCAATACAAC
>HPV39_Alpha_333245_nt5370_AOS|1
TACATATAACACAGGCTCACTACCTTCTGTGGCTTCTTCAGCATCTACTAAATATGCCAA
>HPV39_Alpha_333245_nt5348_AOS|1
ATAATACAAGGGATTTCGGGCACTACATATAACACAGGCTCACTACCTTCTGTGGCTTCTT
>HPV39_Alpha_333245_nt5341_AOS|1
GCATTTAATAATAACAAGGGATTTCGGGCACTACATATAACACAGGCTCACTACCTTCTGTG
>HPV39_Alpha_333245_nt5245_AOS|1
GAATTACAGCCCCTAGTTCACGCTGAGCCCTCTGATGCTTCAGATGCATTATTTGATATA
>HPV39_Alpha_333245_nt1211_AOS|1
CACTAGACCGTATGGAAAAAAGTAGGCAGGAATACCAGGGGAACACTACAGGAAATTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt4383_AOS|1
TAGATACCATAGCTCCTGTAGAACCATCCTCATCTTCAATTGTTCCATTAAACAGAACTT
>HPV93_Beta_37089393_nt402_AOS|1
AGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGGTGTCGCCATTGTATGAAAAAATTAGATCAAATTG
>HPV93_Beta_37089393_nt395_AOS|1
GAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGGTGTCGCCATTGTATGAAAAAATTAGAT
>HPV93_Beta_37089393_nt388_AOS|1
AGTTAAGGAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGGTGTCGCCATTGTATGAAAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt350_AOS|1
AATTACTTGAATGATAGTGTTGTTGGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAGCCACTC
>HPV93_Beta_37089393_nt90_AOS|1
ATAAGTATTGATATATGGTATATAAGGCAGACATCTTAATGGCGGCAGTAAGTAAACCTC
>HPV93_Beta_37089393_nt83_AOS|1
CCTGTTTATAAGTATTGATATATGGTATATAAGGCAGACATCTTAATGGCGGCAGTAAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt75_AOS|1
TCGTAGCACCTGTTTATAAGTATTGATATATGGTATATAAGGCAGACATCTTAATGGCGG
>HPV12_Beta_396910_nt6365_AOS|2
TGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGTTGCCCTCCCATAGAGTTAAAGAACACTTTC

>HPV12_Beta_396910_nt6358_AOS|3
CTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGGCCCTCCCATAGAGTTAAAGAA
>HPV12_Beta_396910_nt6351_AOS|2
AGAAAGCCTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGGCCCTCCCATAGAGT
>HPV12_Beta_396910_nt5094_AOS|1
GTGCAAGTTGATAATCCTTTATTTATAGATAAACCTTCTAAGTTAGTACGCTTTTCATTT
>HPV12_Beta_396910_nt5087_AOS|1
ACAACAAGTGCAAGTTGATAATCCTTTATTTATAGATAAACCTTCTAAGTTAGTACGCTT
>HPV12_Beta_396910_nt5032_AOS|1
GGACACAAACCCTGGCCGACGTAGAGGAGTGTCCCTAACAAATAGAAGGCTAGTACAAC
>HPV12_Beta_396910_nt5021_AOS|1
TCCACTTCAGAGGACACAAACCCTGGCCGACGTAGAGGAGTGTCCCTAACAAATAGAAG
>HPV12_Beta_396910_nt5014_AOS|1
GCAGCACTCCACTTCAGAGGACACAAACCCTGGCCGACGTAGAGGAGTGTCCCTAACAA
>HPV12_Beta_396910_nt5007_AOS|1
CGGCAAAGCAGCACTCCACTTCAGAGGACACAAACCCTGGCCGACGTAGAGGAGTGTCC
>HPV12_Beta_396910_nt4868_AOS|1
TGAAACATCTTTGGCAGACCACATCCTGGTCACATCTGGCTCAGGAGGTCAAACCTATAGG
>HPV14D_Beta_396918_nt5444_AOS|1
AGGATAGGGACATTAGCATGGATATTATTTATCCTACCCAGAGTTGCCTGTTGTCATTA
>HPV14D_Beta_396918_nt5362_AOS|1
TATACCGTCCCTCGTTTTGAAACAACCAGATCTGGGTCATATTATGCACAGGATACAAAA
>HPV14D_Beta_396918_nt5347_AOS|1
CGCTCAACATCTTCATATACCGTCCCTCGTTTTGAAACAACCAGATCTGGGTCATATTAT
>HPV14D_Beta_396918_nt5340_AOS|2
TAATCGACGCTCAACATCTTCATATACCGTCCCTCGTTTTGAAACAACCAGATCTGGGTC
>HPV14D_Beta_396918_nt5326_AOS|1
CAATTAGTTGTGGGTAATCGACGCTCAACATCTTCATATACCGTCCCTCGTTTTGAAACA
>HPV14D_Beta_396918_nt4834_AOS|1
GTCCAACAAGTTTCTGTAGAAAACCCCTTATTTTTTAACAAGACCATCTAGACTAGTGCAA
>HPV14D_Beta_396918_nt4598_AOS|1
CCGAATCCACCCCTACCACAGGTGAAAGTTCATTAGCAGACAATATATTGGTTACCTCTG
>HPV14D_Beta_396918_nt4591_AOS|1
GTAATTACCGAATCCACCCCTACCACAGGTGAAAGTTCATTAGCAGACAATATATTGGTT
>HPV14D_Beta_396918_nt4580_AOS|2
CCTCCTTTCAAGTAATTACCGAATCCACCCCTACCACAGGTGAAAGTTCATTAGCAGACA
>HPV14D_Beta_396918_nt2184_AOS|1
GTTGTATATGGACACTTATTTGAGGAATGGCCTTGATGGTCATTATGTTTCTTTAGATTG
>HPV15_Beta_396924_nt5489_AOS|1
TGAATCACCTAGAAATACTGGGTTTTACATACAAGATGTGCATGGGTATAATGTAGCCTA
>HPV15_Beta_396924_nt6555_AOS|1
TACCAGCACAATCAACCCAACAACAAAATAACTTAGCAAATCTACTTACTTTCCCACAG
>HPV15_Beta_396924_nt4900_AOS|2
ATAACAGACGGCTGACTGAACAAGTAGCTGTAACAGACCCTTTATTCTTGGGACGACCCT
>HPV15_Beta_396924_nt3923_AOS|1
TCTCTTCCAACACCGAAAGAGAGCTCTTTATCAAAATAATGAAACTGCCACCAGGCGTTG
>HPV15_Beta_396924_nt3911_AOS|1
TGTTACTGGCATTTCTTCTTCCAACACCGAAAGAGAGCTCTTTATCAAAATAATGAAACTGC
>HPV15_Beta_396924_nt3904_AOS|1
TCACGATTGTTACTGGCATTCTCTTCCAACACCGAAAGAGAGCTCTTTATCAAAATAATG
>HPV15_Beta_396924_nt3897_AOS|1
TGGACGCTCACGATTGTTACTGGCATTCTCTTCCAACACCGAAAGAGAGCTCTTTATCAA
>HPV15_Beta_396924_nt3890_AOS|1
ATAGAATTGGACGCTCACGATTGTTACTGGCATTCTCTTCCAACACCGAAAGAGAGCTCT
>HPV15_Beta_396924_nt441_AOS|1

GTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGTTGGAGATATTATTATTCGCTG
>HPV15_Beta_396924_nt434_AOS|1
AGTCGGTGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGTTGGAGATATTATTA
>HPV17_Beta_396932_nt5118_AOS|1
AAACACCTCAGGGTTATTTACGAGTCAGTAGACTAGGTAGAAGAGCCAGCATTCGTACTC
>HPV17_Beta_396932_nt5510_AOS|1
GAAACACCTAGGGACACTGGCTTTTACATACATGACACTCAGGGATACACAGTAGCATAT
>HPV17_Beta_396932_nt4842_AOS|1
GCACACCTCCTAGAACAAGTACTCCAGTTCAACGTGCAGTAGAATCACTATCAAGCTTAA
>HPV17_Beta_396932_nt4719_AOS|1
TAGTGTTCGAAGGTTTTGGTGGACAAAACATAGGAGGTTCCAGGAATGCAGCCATTGATA
>HPV17_Beta_396932_nt3933_AOS|1
TAGCATTTAACACATATGATGAAAGAGAATTGTTTATCCAAAAAATGAAGCTACCACCAG
>HPV17_Beta_396932_nt3926_AOS|1
ATGTTACTAGCATTTAACACATATGATGAAAGAGAATTGTTTATCCAAAAAATGAAGCTA
>HPV17_Beta_396932_nt1825_AOS|1
ACAGCACAGGCAACACAATTCGATCTATCTACCATGATACAATTTGCTTATGATAACGAA
>HPV17_Beta_396932_nt1809_AOS|1
TATGATTAATCATCAAACAGCACAGGCAACAAATTCGATCTATCTACCATGATACAATT
>HPV17_Beta_396932_nt830_AOS|1
TCGTTCAAGAGGAGCTTTTATTAGGTGAAGTACAGTTGGTGTGTCCTAACTGCAGAGA
>HPV17_Beta_396932_nt805_AOS|1
TTGTTCTTGCAACGCACGCTGGAATTCGTTTCAAGAGGAGCTTTTATTAGGTGAAGTAC
>HPV19_Beta_396940_nt5585_AOS|1
ACAGTTAGTAGTTGGTGGGCGCGTCTACTTCCACATATACAGTTCCCCAATTTGAAAC
>HPV19_Beta_396940_nt5272_AOS|1
ATTCAGAAACACCATCTGGTTACATCAGAGTTAGTCGCCTAGGCCAAAGGCGAACCATTC
>HPV19_Beta_396940_nt4150_AOS|1
AAGCACTTTGATGATACAGTAAGGTATCCTAAAGGTGTGGACCGATCGTTTGGCTCATTT
>HPV19_Beta_396940_nt488_AOS|1
AGTTCTATGAGCATACTGTAACAGGTAGAGAAATTGAGTTTGTAAACAGGTAAATCTGTCT
>HPV19_Beta_396940_nt219_AOS|1
AGAAGAAGAGATAGAAATTGTAGAAGAGGGAAGTACTGCACCACAGGTCACAGAGCCACC
>HPV19_Beta_396940_nt212_AOS|1
AGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGTAGAAGAGGGAAGTACTGCACCACAGGTCACAG
>HPV19_Beta_396940_nt205_AOS|1
AACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGTAGAAGAGGGAAGTACTGCACCACAG
>HPV19_Beta_396940_nt198_AOS|1
TATGGCTAACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGTAGAAGAGGGAAGTACTGC
>HPV19_Beta_396940_nt191_AOS|1
GCAAACCTTATGGCTAACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGTAGAAGAGGGAA
>HPV19_Beta_396940_nt183_AOS|1
TTGCAGCTGCAAACCTTATGGCTAACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGTAGA
>HPV25_Beta_396948_nt3784_AOS|1
AGCAGGGGGGGCGCGCAGGGGCGGGAGACGACGACACAGATTGTCTGAATCCCCCACC
>HPV25_Beta_396948_nt5666_AOS|1
GAAACTACACGCTCTGCATCATATTATACCCAAGATATTCAGGGATACTATGTGTCCTAT
>HPV25_Beta_396948_nt5037_AOS|1
CAAGACAAAGTAGTACACCTCTTCAAAGGATTAGGACTGCATTAAAGACGTAGAGGAGGAT
>HPV25_Beta_396948_nt4737_AOS|1
TTGTACCCTCCACTGACACCCCGGTGACAACAACTTCTAGAGGTGCCAGCGCAGTTTTAG
>HPV25_Beta_396948_nt3802_AOS|1
AGGGGCGGGAGACGACGACACAGATTGTCTGAATCCCCCACCTCCAAGCGATCACGAAGA
>HPV25_Beta_396948_nt3777_AOS|1
AGGGAGCAGCAGGGGGGGCGCGGCAGGGGCGGGAGACGACGACACAGATTGTCTGAATC

>HPV25_Beta_396948_nt475_AOS|1
TTTTACGAAAGCACTGTAACAGGTAGGGAAATTGAAGACGTTACAGGTAAATCAATTTTT
>HPV25_Beta_396948_nt203_AOS|1
CAACTGCAAATGCTGAACAGAGCATAGGACCACCAGAGCAAGCGCAGGTTATACAGCCAC
>HPV25_Beta_396948_nt196_AOS|1
CTTATGGCAACTGCAAATGCTGAACAGAGCATAGGACCACCAGAGCAAGCGCAGGTTATA
>HPV25_Beta_396948_nt189_AOS|1
ATTAGGACTTATGGCAACTGCAAATGCTGAACAGAGCATAGGACCACCAGAGCAAGCGCA
>HPV27_Alpha_396964_nt5475_AOS|1
ACGATTACTACCCAGCCCCCTCGCGGCTCCCTGGCTAATACCACGGTATCTGCCTCCTCTG
>HPV27_Alpha_396964_nt5893_AOS|1
CTGTGCGGCCACCCATATTATTCTATAAAGAAGGGTAGCAATAATAGGTTGGCAGTGCCTA
>HPV27_Alpha_396964_nt5468_AOS|1
CCATTGGACGATTACTACCCAGCCCCCTCGCGGCTCCCTGGCTAATACCACGGTATCTGCC
>HPV27_Alpha_396964_nt4216_AOS|1
CGTGATGATATTGACTGTCTGTTGGTGATTCTCACCTCATTGGCTTATTATTGTTGTTG
>HPV30_Alpha_396973_nt7587_AOS|1
GTTTCCTGCACTTTATGTTTTTTTTTGAACGTAAGACGCCTCGCCTTATTAGTCATATA
>HPV30_Alpha_396973_nt7376_AOS|1
CTATGTCCTCCACCCTTTTTTGGTTGTTGCACACCACCTGTGCAGTTACTTTTTATATTTAT
>HPV30_Alpha_396973_nt7144_AOS|1
CAAGCGGCGGTGATTGTTTGTGTCTGTGTATGTTTCCTTACTATTTATTGTGCATGAATG
>HPV30_Alpha_396973_nt7137_AOS|1
CCAAACGCAAGCGGCGGTGATTGTTTGTGTCTGTGTATGTTTCCTTACTATTTATTGTGC
>HPV30_Alpha_396973_nt6823_AOS|1
TACTATGAACTCCACTTTACTTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTCACCCCCAGCTGCCAC
>HPV30_Alpha_396973_nt4719_AOS|1
TGGCTCTGTCCATGTTAGTAGTACCCATTTTACCAATCCCTCCTTTGTTGAACCCCCAGT
>HPV30_Alpha_396973_nt4712_AOS|1
CTACCACTGGCTCTGTCCATGTTAGTAGTACCCATTTTACCAATCCCTCCTTTGTTGAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt3139_AOS|1
TTACTGTGGGGACAATGGGTGGACTAAAGTGCCTTCTGTAGTAGATTACAAAGGTATATA
>HPV30_Alpha_396973_nt1356_AOS|1
GGAAAACAGCATAGAAGCAGACAGTGATATGGATATAGGCGCCACGCCACCACAGCAAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt260_AOS|1
AGACTGGTATATAGGGAGGACAGCCCATATGCAGTGTGCAATTTCTGTTTATTATTTTAT
>HPV3_Alpha_397005_nt5431_AOS|1
GATGCTGACATAGGTTTTACATCTGGAGGTCGTAGTGACACTCTGTCTAGAGGCCGTGCT
>HPV3_Alpha_397005_nt4264_AOS|1
TCCTTGATGTATATGCCCTAGTGTGGTATTGTACCACCGTCTTTTATACTGCTATGTTTT
>HPV3_Alpha_397005_nt4247_AOS|1
TCACCTGTATGTATTCTTCCTTGATGTATATGCCCTAGTGTGGTATTGTACCACCGTCTT
>HPV3_Alpha_397005_nt4240_AOS|2
TTGCAGGTCACCTGTATGTATTCTTCCTTGATGTATATGCCCTAGTGTGGTATTGTACCA
>HPV3_Alpha_397005_nt4228_AOS|1
GTAAGGTTGTAGTTGCAGGTCACCTGTATGTATTCTTCCTTGATGTATATGCCCTAGTGT
>HPV3_Alpha_397005_nt4218_AOS|1
TGGGACTCCTGTAAGGTTGTAGTTGCAGGTCACCTGTATGTATTCTTCCTTGATGTATAT
>HPV3_Alpha_397005_nt4134_AOS|1
TGTTTGTTGAGCCTGGAGACGTGTACATATTATTGCTGTTTATGTTAGCTGTCATACTTA
>HPV3_Alpha_397005_nt4127_AOS|1
CTTGTCTTGTTGTTGAGCCTGGAGACGTGTACATATTATTGCTGTTTATGTTAGCTGTC
>HPV3_Alpha_397005_nt4119_AOS|1
GCGACCATCTGTCTTGTTGTTGAGCCTGGAGACGTGTACATATTATTGCTGTTTATGTT
>HPV3_Alpha_397005_nt2174_AOS|1

GGTACCAGGACGTAGAAATTTATACCATTTCTATGCGCTCTGAAATCATTCCTACAAGGAA
>HPV40_Alpha_397014_nt7524_AOS|1
TTCAGTGTTGACCATGTACTTTTTGTGTCTAAATCCTCCATTTTGTACTGCGCGACCGCT
>HPV40_Alpha_397014_nt7517_AOS|1
CGTCTTGTTTCAGTGTTGACCATGTACTTTTTGTGTCTAAATCCTCCATTTTGTACTGCGC
>HPV40_Alpha_397014_nt7510_AOS|1
GTCATGGCGTCTTGTTTCAGTGTTGACCATGTACTTTTTGTGTCTAAATCCTCCATTTTGT
>HPV40_Alpha_397014_nt7502_AOS|1
ATGGCAGTGTCATGGCGTCTTGTTTCAGTGTTGACCATGTACTTTTTGTGTCTAAATCCTC
>HPV40_Alpha_397014_nt5895_AOS|1
AGGTTACTGACTATAGGACATCCATACTTTGAGTTAAAAAAACCCAATGGTGACATTTCA
>HPV40_Alpha_397014_nt4030_AOS|1
TGTCCTAATCTGTATGTGTGGAGCTCTATACTGTCTGCTATCTCCATTTTGTGCTTTGT
>HPV40_Alpha_397014_nt4022_AOS|1
TGTGTGTGTGTCCCTAATCTGTATGTGTGGAGCTCTATACTGTCTGCTATCTCCATTTTG
>HPV40_Alpha_397014_nt3791_AOS|1
GGTCTGACTTCTTAGCTATTGTAAAAATACCAAAAACAATAAACATAGCTTGGGTATGT
>HPV40_Alpha_397014_nt285_AOS|1
CATGTCCACGGTGCCTGGACCTGCACGAAAAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGATACG
>HPV45_Alpha_397022_nt7514_AOS|1
TAAACATAATACCTAAACTGGCACATTTACAACCCCTACATAGTTTAACCTACTGGCGCG
>HPV45_Alpha_397022_nt7098_AOS|1
TCTACTGCATCTAGGCCTGCCAAACGTGTACGTATACGTAGTAAGAAATAATATGTTAGC
>HPV45_Alpha_397022_nt5352_AOS|1
ATTCTTGACCATGCCTTCTACTGCTGCATCCTCTTACAGTAATGTTACAGTACCATTAA
>HPV45_Alpha_397022_nt5342_AOS|1
TATCCAAAGTATTCCTTGACCATGCCTTCTACTGCTGCATCCTCTTACAGTAATGTTACA
>HPV45_Alpha_397022_nt5335_AOS|1
ATTTACATATCCAAAGTATTCCTTGACCATGCCTTCTACTGCTGCATCCTCTTACAGTAA
>HPV45_Alpha_397022_nt5328_AOS|1
ACAAATCATTTACATATCCAAAGTATTCCTTGACCATGCCTTCTACTGCTGCATCCTCTT
>HPV45_Alpha_397022_nt1443_AOS|1
TGTAGATCCGCATTGCAGTATTACAGAACTAAAGGAGCTATTACAAGCAAGTAACAAAAA
>HPV45_Alpha_397022_nt1436_AOS|1
CAGAAAATGTAGATCCGCATTGCAGTATTACAGAACTAAAGGAGCTATTACAAGCAAGTA
>HPV45_Alpha_397022_nt1429_AOS|1
GACAATGCAGAAAATGTAGATCCGCATTGCAGTATTACAGAACTAAAGGAGCTATTACAA
>HPV52_Alpha_397038_nt7837_AOS|1
GCCAAATATGTCTTGTAACCATGATTAAATACTGTTACTCACCAGGTGTGCACTACACG
>HPV52_Alpha_397038_nt7597_AOS|1
ACAGTAACAACATATTTTATATAAGTTTCAGCAAACCTGCTTAATCCTTTGGTTTCCTGCA
>HPV52_Alpha_397038_nt7582_AOS|1
TTGGTTGTCTTGGCACAGTAACAACATATTTTATATAAGTTTCAGCAAACCTGCTTAATC
>HPV52_Alpha_397038_nt5495_AOS|1
CTTCGTTACCCACACATACTCCTTTTGTTCCTATAGCCCCTACAGCTCCATCTACATCTA
>HPV52_Alpha_397038_nt5482_AOS|1
GACATTCCATTACCTTCGTTACCCACACATACTCCTTTTGTTCCTATAGCCCCTACAGCT
>HPV52_Alpha_397038_nt5472_AOS|1
GTCAGGTCTGACATTCCATTACCTTCGTTACCCACACATACTCCTTTTGTTCCTATAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt5465_AOS|1
CCATTGAGTCAGGTCCTGACATTCCATTACCTTCGTTACCCACACATACTCCTTTTGTTC
>HPV52_Alpha_397038_nt5348_AOS|1
ATGCAGATTCTTTGCAGCAACCCACGTTTCACTTACCTTCCACACTTTCTACCCATAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt4982_AOS|1
CTTTTATGTCATCACCACAGAAATTAGTAACATATAACAATCCTGTTTTTGAGGGCGTTG

>HPV52_Alpha_397038_nt329_AOS|1
AGGCATTATCAATATTCACCTGTATGGGAAAACATTAGAAAGAGAGGGTAAAAAAACCATTA
>HPV56_Alpha_397053_nt7708_AOS|1
TTTGGTGT TTTGGCTTGCAGAATACACTATGTAGGCCAAGTATCTGTCAGTATCTGTTTT
>HPV56_Alpha_397053_nt7585_AOS|1
TATACTTGAATTATGTACAGTACCGCACCCCTGTATTACTCACAGGTACTATGACTGCCAA
>HPV56_Alpha_397053_nt7578_AOS|1
TGTGTTTTTATACTTGAATTATGTACAGTACCGCACCCCTGTATTACTCACAGGTACTATGA
>HPV56_Alpha_397053_nt1052_AOS|1
TTCATATATACAAAATATACAGGCAGACGCAGAAACAGTCAACAATTGTTGCAAGTACAA
>HPV56_Alpha_397053_nt1045_AOS|1
TAGACGATTTCATATATACAAAATATACAGGCAGACGCAGAAACAGTCAACAATTGTTGCA
>HPV56_Alpha_397053_nt253_AOS|1
TGAATTAAAAATTAGTGTATAGGGATGATTTTCCTTATGCAGTGTGCAGAGTATGTTTATT
>HPV56_Alpha_397053_nt66_AOS|1
ATATAAAAGGCAGCTTATTCTGTGTGGACATATCCATGGAGCCACAATTCAACAATCCAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7255_AOS|1
CCTACCTCTGCTAAACGAAAGCGCAGGAAGTAACTGTATGGTATGTGTGTGTGTGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5645_AOS|1
GTCTGTGCTAACGCCTTCCTTCCTGCAACTACCCCATATTCTATATATATTGTAGGTTT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5558_AOS|1
TAATGTCACTGTACCATTATCCACTGGGTTGTCCGTTCCAGCGTCCACTGGCCCTGATGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5551_AOS|1
CTCATACTAATGTCACTGTACCATTATCCACTGGGTTGTCCGTTCCAGCGTCCACTGGCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5544_AOS|1
GCATCCTCTCATACTAATGTCACTGTACCATTATCCACTGGGTTGTCCGTTCCAGCGTCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5520_AOS|2
GCCACCATATCTGCCACGTCTGTGGCATCCTCTCATACTAATGTCACTGTACCATTATCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4186_AOS|1
TTGGGGTCTGATGACAGTGGTCTACTGTTTTTATTGTGCCTCATAGTGGCATTAATACTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3433_AOS|1
GGACAATAACGAGTACGGGACCAACAGTTACCCTGACAGCACAAAAGGACGACACGTGTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1259_AOS|1
TAGATGTGCAACAATCGCAGGAACGCACAGCAAGTATTGTAGAGCTGTTAAAAACCAGTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1246_AOS|1
CCGGAACGCAGTGTAGATGTGCAACAATCGCAGGAACGCACAGCAAGTATTGTAGAGCTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt7556_AOS|1
TGGTTTTAGTAATGGTTACTGTTGTGGGTATGTAAATGGCGTCTGAACGTCTTCCATTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6554_AOS|1
GACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6547_AOS|2
AACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6537_AOS|1
AAGCTGGTAAAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4313_AOS|1
CAGAACACTTAAGTTGCATCAGTCCTCCAGCAAATAAACAATCCTTTATATAATCACTTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt4287_AOS|1
TTAATATTGGTGTTAGCGTTTCATTACAGAACACTTAAGTTGCATCAGTCCTCCAGCAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4089_AOS|1
TTATTTTTTGTCTTGGGGCGTCCTTACATCACCTATTAACGTTTTTATATTGGCGTTGTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4071_AOS|1
TGCATGTGCTTCTATCTTTTTATTTTTTGTCTTGGGGCGTCCTTACATCACCTATTAACGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt3877_AOS|1
TATATTTGTATAGAGGAAGTAACTGTGATAAAAGGGGGGGTATTGTACCCCAACCACA
>HPV81_Alpha_40804509_nt7474_AOS|1

ATTGTATGCGTGCTGCCCTTTTGGCCCTACACTGTTGTTTGTATATTTGTGGAATGTGTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt7328_AOS|1
CCAGGACCCCCACTACCTCTGCTAAGCGAAAACGTAAAAAATAGTAGTATGCTTGTTTGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt6381_AOS|1
TGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTTGAGTTTAAAAATACAACCAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5765_AOS|1
CGCCATATATGTTGTTGGCACTGATTTTTACTTGTTTCCTTCTTATATATTCTTCCCTAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5752_AOS|1
CAACTACCCCGTACGCCATATATGTTGTTGGCACTGATTTTTACTTGTTTCCTTCTTATA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5744_AOS|1
GTTTCCTGCAACTACCCCGTACGCCATATATGTTGTTGGCACTGATTTTTACTTGTTTCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5737_AOS|1
TCCCTTCGTTTCCCTGCAACTACCCCGTACGCCATATATGTTGTTGGCACTGATTTTTACT
>HPV81_Alpha_40804509_nt924_AOS|1
GTTGTAGAAAAAACACAGGGTATCAGGAATCAAGTGATGAAGAGGAAGATAGTGCAGAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt917_AOS|1
GGAGGCTGTTGTAGAAAAAACACAGGGTATCAGGAATCAAGTGATGAAGAGGAAGATAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt7122_AOS|1
CATTAAGTAAGACGCTGGCGAAGAAAAGAGACGCTCCTTATTTTTTTTGGAAAAATATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt7027_AOS|1
GCAATAAACTATACCTCCAATTACTATTGTGTGCCATGCTTTGTGACTCATGTGGTCAATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6822_AOS|2
ATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAACAGGCACAAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6815_AOS|1
TGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAACAGGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6803_AOS|2
TCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6205_AOS|1
CTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt422_AOS|1
AAACTATTAGACATAGTAGAAAACTTGACCTGTTATACAGTGGTGAGGTGTGCTATTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt415_AOS|1
CTGTCTTAACTATTAGACATAGTAGAAAACTTGACCTGTTATACAGTGGTGAGGTGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt408_AOS|1
GTTTATGCTGTCTTAACTATTAGACATAGTAGAAAACTTGACCTGTTATACAGTGGTG
>HPV94_Alpha_40804528_nt5600_AOS|2
ACCGGGCCTGACATTATATTACCCACCTCGGCGCAGTGGCCTTATGTGCCTTTAACACCT
>HPV94_Alpha_40804528_nt7013_AOS|1
CTTGGAGGACACTTATAGTTCTTGTCTCCTCCGCAATAACTTGTGAGAGGAGGCACC
>HPV94_Alpha_40804528_nt6577_AOS|2
ACACCATTCCCTGACACTCTAATATTGAAGTCGGCCGGTGGTGACCAAAACGTTGGTAGTG
>HPV94_Alpha_40804528_nt6570_AOS|2
GTGGGAGACACCATTCCTGACACTCTAATATTGAAGTCGGCCGGTGGTGACCAAAACGTT
>HPV94_Alpha_40804528_nt6555_AOS|1
AATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCCTGACACTCTAATATTGAAGTCGGCCGGT
>HPV94_Alpha_40804528_nt5484_AOS|1
GAAGTGTACACCCGGCACGGAGCTATAGTACTGCTTCCCCTTTGTCTCTACACTTTCAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt5469_AOS|1
TTACAAATGGCACTCGAAGTGTACACCCGGCACGGAGCTATAGTACTGCTTCCCCTTTGT
>HPV94_Alpha_40804528_nt5461_AOS|1
TGTTGCCCTTTACAAATGGCACTCGAAGTGTACACCCGGCACGGAGCTATAGTACTGCTTC
>HPV94_Alpha_40804528_nt5454_AOS|1
ATGGTGATGTTGCCCTTTACAAATGGCACTCGAAGTGTACACCCGGCACGGAGCTATAGTA
>HPV94_Alpha_40804528_nt4247_AOS|1
ACCTGGGTGTATTGTGATATGGATGTAGACGCCTGTGCATAATCTAATGTTTTGCTGTGT

>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7507_AOS|1
ATTATTTAAAGTTAAATCCTTTTTGGCTCTGTTTAAGGCGCCAGTGAGCCAGTGGCGCAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7500_AOS|1
TTGTTACATTATTTAAAGTTAAATCCTTTTTGGCTCTGTTTAAGGCGCCAGTGAGCCAGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3992_AOS|1
CACTATTCCGCTTTTTCTGCTACTAATGTGTGTGCGCATGCTTGGCTACTTGTGTTTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3551_AOS|1
ACTAGAAACCCATTTCAGACATTGTGGATTTCACAGAAACAAGTGAAGTCGACGGACTGTCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3538_AOS|1
GGGTTCGGCGCCGACTAGAAACCCATTTCAGACATTGTGGATTTCACAGAAACAAGTGAAGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3312_AOS|1
AGTTTAAATGTGATGCACAACAATATGGACAGAGCGGTAAATGGGAAGTGTGGTATAATG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1395_AOS|1
GAAAAATGGCGACGGTTTAAATAGTGAGGCATGTAGTACAGATAATGAAATGGATATAGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1383_AOS|1
GTTTGGGGATGGGAAAAATGGCGACGGTTTAAATAGTGAGGCATGTAGTACAGATAATGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1368_AOS|1
CCTAGATACAAATGTGTTTGGGGATGGGAAAAATGGCGACGGTTTAAATAGTGAGGCATG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1360_AOS|2
CAGGTAACCCTAGATACAAATGTGTTTGGGGATGGGAAAAATGGCGACGGTTTAAATAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt4204_AOS|1
TGGTAGCTTTGATAGTCTTTAACTACTAACATTTTCATTTTTTTTATACTAATAACTAACCC
>HPV96_Beta_50253426_nt4195_AOS|1
TTGGTCCTTTGGTAGCTTTGATAGTCTTTAACTACTAACATTTTCATTTTTTTTATACTAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt3060_AOS|2
AATTAAGAGACTCACCTTACAAAGATGAACCTTGGACATTGATTAACACCAGTTTAGAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt3048_AOS|1
TTCAACTAGAGAAATTAAGAGACTCACCTTACAAAGATGAACCTTGGACATTGATTAACA
>HPV96_Beta_50253426_nt1650_AOS|1
AACTGCATATGGAGTTAAAGAGGAATTATTAGAAGGATGTAAGCAACTGTTACAAGAACA
>HPV96_Beta_50253426_nt696_AOS|1
GTATCAAGAAAACTTTTATTTAGTAAGAGGAGGTTGGAAAGGCATTTGCAGATATTGTAG
>HPV96_Beta_50253426_nt484_AOS|1
TTAAATCTTATTTGGAAGGAAGGTTATGCATATGCGTGTTGTTCAATTGTGCTAGAACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6565_AOS|1
TTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTATGCTCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6558_AOS|1
CCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt5608_AOS|1
GCAGACCCTTCTGTTTCCTGTGCCATCTAATATTCCTATTCAGTCTGTGTTTATAGACGGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt5599_AOS|1
CATATGCCTGCAGACCCTTCTGTTTCCTGTGCCATCTAATATTCCTATTCAGTCTGTGTTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4164_AOS|1
TGGCCGGGACGAAGTGGGATTACTGCTTATTATTTTAATTCTCATCGTAATTATTATTAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4152_AOS|1
TTTAATTGTTATTGGCCGGGACGAAGTGGGATTACTGCTTATTATTTTAATTCTCATCGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4139_AOS|1
GGCAGGCATATGATTTAATTGTTATTGGCCGGGACGAAGTGGGATTACTGCTTATTATTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4106_AOS|1
TCACTATGTATCCATTGGAGGCTAGAGGTGGGGGCAGGCATATGATTTAATTGTTATTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3859_AOS|1
ACCAGTACAACCCTGGATTACATATTGTGCTTGATTTGTTTGTGGTGTCATATTCCTGTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3822_AOS|1
TTTGCAAATACCTGAGCCACTATACACCACACCATATACCAGTACAACCCTGGATTACAT
>HPV59_Alpha_557236_nt6416_AOS|1

TTCCTGAATCACTATATATTAAAGGTACTGACATACGTGCCAACCCAGGCAGTTATTTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5491_AOS|1
CTACACCCCTTTACCACCATACAGTCTATTAATATAGAAGGCACAAATTATTTTTTATGGC
>HPV59_Alpha_557236_nt5476_AOS|1
AACCCACTTATCTACTACACCCCTTTACCACCATACAGTCTATTAATATAGAAGGCACAA
>HPV59_Alpha_557236_nt5456_AOS|1
ACCTAATACTAATATTGTTGAACCCACTTATCTACTACACCCCTTTACCACCATACAGTC
>HPV59_Alpha_557236_nt5328_AOS|1
ACAATTCCCTAAATCTTCTTTTCAAAGTTTGTCATTAACACGGTCGGCATCTAGCACCTTT
>HPV59_Alpha_557236_nt5321_AOS|1
TGCATTTACAATTCCTAAATCTTCTTTTCAAAGTTTGTCATTAACACGGTCGGCATCTAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5313_AOS|1
GCCAACACTGCATTTACAATTCCTAAATCTTCTTTTCAAAGTTTGTCATTAACACGGTCG
>HPV59_Alpha_557236_nt5300_AOS|2
ACCTACTAGTACTGCCAACACTGCATTTACAATTCCTAAATCTTCTTTTCAAAGTTTGTC
>HPV59_Alpha_557236_nt5293_AOS|1
ATGAAGCACCTACTAGTACTGCCAACACTGCATTTACAATTCCTAAATCTTCTTTTCAA
>HPV59_Alpha_557236_nt1414_AOS|1
ACATCCCCCACTAATCAATTGTTACAGTTATTACATAGCAAAAATAAGAAAGCAGCTATG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7533_AOS|1
TGGCTGTTGCACGCGTTTTTGGTTTGCACGCGCCTTACACACATAAGTAATATACATGCAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7504_AOS|1
TGTATATCTTGTTACACCCTGTGACTCAGTGGCTGTTGCACGCGTTTTTGGTTTGCACGCG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7491_AOS|1
TTAACTACATTATTGTATATCTTGTTACACCCTGTGACTCAGTGGCTGTTGCACGCGTTT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6604_AOS|2
AATTAAGGGTAGTGGAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTAACACCCCAAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt5334_AOS|1
TATGCACACTCGCAGCGGAAAGCACATAGGGGCCCCGATTCATTATTTTTATGATATTTT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4639_AOS|1
CCCTTAGGAACCTTCTGCAAAACCTTCTATTACTAGTGGGCTATGGCTCGTCCTCCTGTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt4211_AOS|1
TGTTATGTGCCTTTATTGTAGGGGTGTTGGGGTTATTATTAATGCACTATAGAGCTGTAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt3489_AOS|1
TTGGACCCGTGGACAGTGGAAACCACAACGTCATCACTAACAATCACGACCAGCACCAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3128_AOS|1
GATGTGTATGTGCAGGACACTGACTCCTGGGTAAAGGTGCATAGTATGGTAGATGCTAAG
>HPV57_Alpha_60882_nt6960_AOS|2
CCCCGTCCGCCAGCCTGCAGGACACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGATAACATGTC
>HPV57_Alpha_60882_nt7430_AOS|1
GTAATTGTCCCCGCTGCATGGTTTGCACACTGTGGCCTGTATGTAGCCCCCTGGTAGATA
>HPV57_Alpha_60882_nt7220_AOS|2
AAGGTCAGGCGATAGTGATTCTGTGTCTGCCTCATTTCTTTTGCTCTACTTTTGTATATG
>HPV57_Alpha_60882_nt4317_AOS|1
TATCGGTGTGCACCTGATTGCCTTTGTATTGCTACGTGTCAATAAACTTATTGCCATGTC
>HPV57_Alpha_60882_nt4310_AOS|1
ACATTTTTATCGGTGTGCACCTGATTGCCTTTGTATTGCTACGTGTCAATAAACTTATTG
>HPV57_Alpha_60882_nt4230_AOS|1
ATTTTGTTGTTGATGCTGTACGTCCGTCTGTCAGTAGTGTACATACTCATTGTGTTTTT
>HPV57_Alpha_60882_nt4120_AOS|2
ATACTGCAATGTATCCTGCTGTGTACAAGGCGACGGGCGGGTCGTATCCCATTTGTCCTGT
>HPV57_Alpha_60882_nt4061_AOS|1
CAATAGTTGATATTACATTGTGACCAACTGCTGCTACCCTGTATATACCTCCCCCTGTA
>HPV57_Alpha_60882_nt4048_AOS|1
CTTGTGGTTTCTACAATAGTTGATATTACATTGTGACCAACTGCTGCTACCCTGTATATA

>HPV69_Alpha_6970418_nt7417_AOS|1
TGGCTCACCTACATTACTCACATATCTTTTAACAATAGTTGCATACGCACTTTTTTTTGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt7409_AOS|1
CCTAGACGTGGCTCACCTACATTACTCACATATCTTTTAACAATAGTTGCATACGCACTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt7402_AOS|1
TGGCTTGCCCTAGACGTGGCTCACCTACATTACTCACATATCTTTTAACAATAGTTGCATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6352_AOS|1
ACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCCAACCTACTTCTAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6345_AOS|2
ATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCCAACCTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6337_AOS|1
TATAGGTGATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5350_AOS|1
TTTGATATACCTATATATAACGGCCCTGACATTTATGCTCCTGTACCTTCTTCCACATGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5309_AOS|1
GTAGTGCACCCTTAAATGTTACCATACCTCTATCTACATCATTTGATATACCTATATATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5302_AOS|1
ACCACTAGTAGTGCACCCTTAAATGTTACCATACCTCTATCTACATCATTTGATATACCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5295_AOS|1
ATTTTCAACCCTAGTAGTGCACCCTTAAATGTTACCATACCTCTATCTACATCATTTGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7511_AOS|1
ACCTATGTTTTTTGGCATAACCCTTAATTCTTTTGGCATGGTATGTACATCCCGCCCGCC
>HPV82_Alpha_6970427_nt4842_AOS|1
CCTCGTTTTATATAGCAGGGCATTTCACAGGTTAAGGTTACTAATCCAGACTTTTATTAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt4835_AOS|1
TGCTGCACCTCGTTTTATATAGCAGGGCATTTCACAGGTTAAGGTTACTAATCCAGACTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt2884_AOS|1
GAGAAAGAAACATGCAAACCCTTAACCATCAAGTAGTACCAGCATCGGCAGTATCAAAAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt2877_AOS|1
ACTGCACGAGAAAGAAACATGCAAACCCTTAACCATCAAGTAGTACCAGCATCGGCAGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt2869_AOS|1
TGTTTTTATACTGCACGAGAAAGAAACATGCAAACCCTTAACCATCAAGTAGTACCAGCAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt1366_AOS|1
GAGCAGCGACAGAAGTACAGAGATAGACCTGGAAACAAACGAAAATGCTACCAATGTAGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt503_AOS|1
CAGTGTGCAAATTGCAGAAAACCACCAAGACAACGTAGTGAAACCCAGGTGTAATAACGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt493_AOS|1
CTGGACGGGACAGTGTGCAAATTGCAGAAAACCACCAAGACAACGTAGTGAAACCCAGGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6285_AOS|1
GTAGGGGACACTATTCCCACTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTTCGTGAAACTCCT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6278_AOS|1
AGGCATGGTAGGGGACACTATTCCCACTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTTCGTGA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5355_AOS|1
AGTTGCCTTTAACACCCTCTACTCCAATTGATACAACCTTTGCCATAACTATATATGGTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5347_AOS|1
AACCCACAGTTGCCTTTAACACCCTCTACTCCAATTGATACAACCTTTGCCATAACTAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5329_AOS|1
TGTTGTATTACCATCTACAACCCACAGTTGCCTTTAACACCCTCTACTCCAATTGATAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5209_AOS|1
ATTTACTACTCGTTCCACATATCAGTTCCTTCATTGGCTTCTGCTGCATCCACTACATA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5202_AOS|1
ATGCTACATTTACTACTCGTTCCACATATCAGTTCCTTCATTGGCTTCTGCTGCATCCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5193_AOS|1
CATTTTCATAATGCTACATTTACTACTCGTTCCACATATCAGTTCCTTCATTGGCTTCTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3453_AOS|1

CAACGTGTCCGTGGACGGTGTGACCTCCCACTCCTCAGTAGAAGTGCAGGCCAAAACAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1336_AOS|1
GTGAAAACCAGGATCCTAAATCACCTACTACCCAACCTAAAGTATTATTACAATGTAACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7616_AOS|1
CCTGTGCAACTACTTTTTACATCCAACAATCTGTCTACTCTTCTTATAAAGTATAAAATGA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7417_AOS|1
TCTCACATACAATAGTCATACATATTTTCACCACTGGCACGTATTTTGGCGCACACTTTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7410_AOS|1
ATGTTAATCTCACATACAATAGTCATACATATTTTCACCACTGGCACGTATTTTGGCGCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6277_AOS|1
ACAGAGCTGGAACAATGGGTGACACTATTCCACAGGAGTTATATATTAAAGGAACTGGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5350_AOS|1
TAGTACTTCTGTATGGCCTTTTATAACACCTACATCTACGTCCACGACACACTATATAGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt5341_AOS|1
ATTACCTTCTAGTACTTCTGTATGGCCTTTTATAACACCTACATCTACGTCCACGACACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5334_AOS|1
ATATTGTATTACCTTCTAGTACTTCTGTATGGCCTTTTATAACACCTACATCTACGTCCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt4890_AOS|1
CTGCCTTTAATCCTATTGACTCTACATTAACACTTTGAACCTACTAGTAATGTTCCCGATT
>HPV97_Alpha_71726694_nt3688_AOS|1
TATTAACGTAAATGTATGATAGTGAGCATCAACGAACCAATTTTGGATAGTGTTCCCTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3224_AOS|1
ACATGAAAGTAAAAAATATGGTAACAGTAATAAGTGGGAAGTGCATTTTGGGGGCGTTGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7526_AOS|1
ATTTATGTTGTGTAGTCCAGTCCTTGTGGCCCGGTCATGCATACCCCCGCCCTTATAACA
>HPV106_Alpha_71726710_nt7516_AOS|1
GTAACATACATTTATGTTGTGTAGTCCAGTCCTTGTGGCCCGGTCATGCATACCCCCGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt7509_AOS|1
CTTGTGAGTAACATATACATTTATGTTGTGTAGTCCAGTCCTTGTGGCCCGGTCATGCATA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6592_AOS|2
ATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCCGCGCCTCTGCTACAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt5560_AOS|2
AGTATCGCACACTACTGTTCCCCTGTCTACAAGCTTTGATGTCCCTGTTTTTAGTGGCCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5552_AOS|1
GTCTCCACAGTATCGCACACTACTGTTCCCCTGTCTACAAGCTTTGATGTCCCTGTTTTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5545_AOS|1
ATCCACTGTCTCCACAGTATCGCACACTACTGTTCCCCTGTCTACAAGCTTTGATGTCCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5533_AOS|1
ATTGGCTGCATCATCCACTGTCTCCACAGTATCGCACACTACTGTTCCCCTGTCTACAAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5367_AOS|1
TAAGTCCAATTACTCCTGCTGAAGAGTTAGAAATGCAACCTCTGGTGTCTGACACCCCTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3874_AOS|1
GTGTATACTACACCCTGGAGATTTTTATTGCTGGCTATCTGTTTGGACACACCTGCTGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5688_AOS|2
CCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTATTGCCTAATTACTTATTCTTTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5655_AOS|1
TGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTCCCTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5456_AOS|1
AATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4263_AOS|1
GAGGCTTATGCACATGTAGACTCCTTACTGTGTTCCCTTTTGTATTCCCATACATTTTTGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4168_AOS|1
CCGTCCTATGATGTGATTGTTTTTGGGCAAGCTGATACTGGATTACTGTTAATAATTTTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4161_AOS|1
GGGGGGGCCGTCCTATGATGTGATTGTTTTTGGGCAAGCTGATACTGGATTACTGTTAAT

>HPV102_Alpha_71726718_nt4146_AOS|1
ATTGGAAACACGACGGGGGGGCGTCCTATGATGTGATTGTTTTTGGGCAAGCTGATAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4139_AOS|1
TGTATCCATTGGAAACACGACGGGGGGGCGTCCTATGATGTGATTGTTTTTGGGCAAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt3615_AOS|1
GTGCGGGGAGACAGCCACTAAAGCAACCTTTGTTACCTTGCGGTATAGCAGTGTAGAACA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3406_AOS|1
AAACAACATCAAAAGCGGCTGGACACTAGTACCCACGGATTCTACGGTGACACTGAGTGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7631_AOS|1
TTGCTAGGGCGCGGTTATATATGTTTACTAAATCTTACTAATCTTTCTATCACTCATTTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7556_AOS|1
ACGCTGTTTATATAATCTTACCTACCGCCTGCCAAAATTATCCACCGCTTGCCAAAATCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4886_AOS|1
AAAGTGGTGACACAGTGTTTATATCGCCATCTACTATTTCCCCTCATTCTACAGAAGACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4879_AOS|1
TCTATTGAAAGTGGTGCACACGTGTTTATATCGCCATCTACTATTTCCCCTCATTCTACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4872_AOS|1
TCAACCTTCTATTGAAAGTGGTGCACACGTGTTTATATCGCCATCTACTATTTCCCCTCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4865_AOS|1
CACAATCTCAACCTTCTATTGAAAGTGGTGCACACAGTGTTTATATCGCCATCTACTATTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt3968_AOS|1
TAATTGCACTTACAGTGTGTGTAGTTAGCATTATAACAATATTGTGGATATCAGAGTTTT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4623_AOS|1
TTCGCGACCCACCCTGTAGTTGACATTGGTCCAACGCCCAGGCCGCTGTTATCATTGA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4220_AOS|2
CATGATGATGTTCAATGTCTGTTGGTGATTCTTATCCTAATCGCCTTTTTATTGTTGATG
>HPV2_Alpha_9626032_nt4210_AOS|1
ACTGTGGGGTCATGATGATGTTCAATGTCTGTTGGTGATTCTTATCCTAATCGCCTTTTT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4178_AOS|1
TATAAGGGATCTGAGGGAACATATCCTGTGGTACTGTGGGGTCATGATGATGTTCAATGT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4105_AOS|1
CCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTCTATATACCCATTGTGTGAGATTTGCAAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4098_AOS|1
TATTTTCGCCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTCTATATACCCATTGTGTGAGAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4091_AOS|1
TCGTTATTATTTTCGCCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTCTATATACCCATTGT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4084_AOS|1
ACCATAGTCGTTATTATTTTCGCCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTCTATATAC
>HPV2_Alpha_9626032_nt4077_AOS|1
GGTTTTTACCATAGTCGTTATTATTTTCGCCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6645_AOS|3
TTCTAAGTTTTTTGAGTTTTTAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCCTTTATTCTACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6603_AOS|2
TACCATCAGTGTTCCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATATAACAATTCTAAGTTTTTTGAGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt3682_AOS|1
TAAGGTACAAATGGAAAAACAAGTATAGCGGTGACATAATGTATCTGGGGACTACTTTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt3148_AOS|1
ATTATATTACACCAACAGATGAATGGTATAAAGCTAGAGGTGGCATTGATGACACTGGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt2640_AOS|1
GGCAACCGTTATATTACATTGATGGTTATACATGGAACCTCTTTTTTTAGGAAATTTTGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt2632_AOS|1
AGGAAATGGGCAACCGTTATATTACATTGATGGTTATACATGGAACCTCTTTTTTTAGGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2578_AOS|1
ATATCTGCAAACCAGAACAATGTATGTGTACTTTAACAAGCCATTTCTCTTAAAGGAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2569_AOS|1

TGAATTCAAATATCTGCAAACCAGAACAAATGTATGTGTACTTTAACAAGCCATTTCTCTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt2561_AOS|1
CGATTAGATGAATTCAAATATCTGCAAACCAGAACAAATGTATGTGTACTTTAACAAGCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt1591_AOS|1
TAGTGAGATAAGTGCTATGGAGGTTTTGCTGCGACAACAATGCCAATTTTTTATACATTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt7292_AOS|1
TTATTTGTTTAGACTCCGGTGCATTATACACAAGTGTGCATTTTTTGTGTTCTCTGATTG
>HPV1_Mu_9626063_nt7272_AOS|1
TATTCCAGATTGTTGAGGATTTATTTGTTTAGACTCCGGTGCATTATACACAAGTGTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt7265_AOS|1
CTGCATATATTCCAGATTGTTGAGGATTTATTTGTTTAGACTCCGGTGCATTATACACAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6565_AOS|2
GTAAAGTAAAGTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATGGACCCTAATATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5769_AOS|2
GGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5578_AOS|2
TTGAGATCTCCAGTAATCAAACGTAACTATACCAAAGTGTACCAAATGCATTTAGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5255_AOS|1
GATACTAGCTTGCATGTATATTACCCAAATCTTCTAAAGGGACTCCAATAATTAATCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5157_AOS|1
TGGGCGAAAATTTGCAACTTACTATTACTAACTCAGAGGGTGAGGTTTCTATACTAGATT
>HPV1_Mu_9626063_nt5119_AOS|1
ATATTCAGAAGAAGAGCTTTTAGACACAAACGAAAGTGTGGGCGAAAATTTGCAACTTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt3748_AOS|1
TTTGCCAGATCAGTGTCTGTGTTTTTGGGACAGTTTAATGGGTCTTAAATTAATGGAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5352_AOS|1
ATTTTTTAAATATTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTCCTATAGTAATGTAACGGTCCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5359_AOS|1
AAATATTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTCCTATAGTAATGTAACGGTCCCTTTAAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5345_AOS|1
CCTTTGCATTTTTTAAATATTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTCCTATAGTAATGTAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5338_AOS|1
ACTACCTCCTTTGCATTTTTTAAATATTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTCCTATAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5331_AOS|1
GCGTTCTACTACCTCCTTTGCATTTTTTAAATATTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5324_AOS|1
TACCATCGCGTTCCTACTACCTCCTTTGCATTTTTTAAATATTCGCCCACTATATCTTCTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt1507_AOS|1
GCACAATTAAAAGACTTGTTAAAAGTAAACAATAACAAGGAGCTATGTTAGCAGTATTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt1479_AOS|1
AGAAAATGTAAATCCACAATGTACCATAGCACAATTAAAAGACTTGTTAAAAGTAAACAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6989_AOS|1
AATTATATAAGATTTGCAAACGTGTATGTATCTGTTTTTGTGAACTATAGTGAAATAAAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6804_AOS|2
TGGTTCCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTCTCATGCACAACTAATACCAAACG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6192_AOS|2
TATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5220_AOS|2
GCCATTTGTTCCCTCTAGAACCAGCTTTGTTATCTGATATATTTAGTACGGATTTTGTATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4544_AOS|1
ATCGTGCAATAGGAAGAGCACGGGATTTATATAATAGAAGGGTTCAGCAAATACCTACTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3693_AOS|1
GCTTTTGTAAAACACAACCTTTTTTCCTAAACTGTGTACATATACCTACGGCTCATTTGAAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt3685_AOS|1
AAAGAGACGCTTTTGTAAAACACAACCTTTTTTCCTAAACTGTGTACATATACCTACGGCT

>HPV4_Gamma_9626597_nt3678_AOS|1
ACTGACCAAAGAGACGCTTTTGTAAAACACAACCTTTTCTAACTGTGTACATATACC
>HPV4_Gamma_9626597_nt3670_AOS|1
TTGATAGCACTGACCAAAGAGACGCTTTTGTAAAACACAACCTTTTCTAACTGTGTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3649_AOS|1
ATAGTCGCATGCTTATTGCATTTGATAGCACTGACCAAAGAGACGCTTTTGTAAAACACA
>HPV63_Mu_9626605_nt6415_AOS|2
TAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATA
>HPV63_Mu_9626605_nt6407_AOS|1
GATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5232_AOS|1
TTGGATCACCTACTATAAATCCTACTGATCTTGACATTCCATTAATTATTATACATTTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5225_AOS|1
GCTAGTGTGGATCACCTACTATAAATCCTACTGATCTTGACATTCCATTAATTATTATA
>HPV63_Mu_9626605_nt4424_AOS|1
TTTATAGATGTAGATACGCCGGGTCAAATAGTAGGACAAGAAATACCACTAGTTAATTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt4417_AOS|1
TAATATTTTATAGATGTAGATACGCCGGGTCAAATAGTAGGACAAGAAATACCACTAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt3091_AOS|1
TGTTTTATTAGAATATGATGGTGTCAAAAACACTACTATGTTGACTTTCAAGAAGAGGCCA
>HPV63_Mu_9626605_nt3064_AOS|1
CAGCTAGTGATGTAGATGTTTCATGGTGTGTTTATTTAGAATATGATGGTGTCAAAAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt3051_AOS|1
AGATGGAGAAAAGCAGCTAGTGATGTAGATGTTTCATGGTGTGTTTTATTTAGAATATGAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7744_AOS|1
CATAAGGTTTAACTTCTAAGGCCAACTAAATGTCACCCTAGTTCATACATGAACCTGTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7072_AOS|2
ATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAACCTGCTAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6912_AOS|1
CTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCTAAAAAATACACTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6893_AOS|1
TTTGTAAACCAGGCAATTGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6445_AOS|1
TGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6437_AOS|1
GGTGA AAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5494_AOS|1
ACTGACCAAGCTCCTTCATTAATTCCTATAGTTCCAGGGTCTCCACAATATACAATTATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5487_AOS|1
TAATATAACTGACCAAGCTCCTTCATTAATTCCTATAGTTCCAGGGTCTCCACAATATAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt3973_AOS|1
ATAATATTGGTATTACTATTGTGGATAACAGCAGCCTCTGCGTTTAGGTGTTTTATTGTA
>HPV5_Beta_9627145_nt5089_AOS|1
GTACTCCATTGCCACGCAATCAATCTGTAGGCCGTAGGAGGGGTTTCTCTTTGACTAATA
>HPV5_Beta_9627145_nt6974_AOS|1
TTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGC
>HPV5_Beta_9627145_nt5159_AOS|1
ACAGCAGGTACAAGTGGACAATCCATTGTTTCTAACTCAACCATCTAAGTTAGTTTCGTTT
>HPV5_Beta_9627145_nt4026_AOS|1
TGTC AAAGGGGCGGCTAACACACTGAAAAATGTCCGCAACAGAGCTAAAATTAAATACAT
>HPV5_Beta_9627145_nt4019_AOS|1
TAATCATTGTCAAAGGGGCGGCTAACACACTGAAAAATGTCCGCAACAGAGCTAAAATTA
>HPV5_Beta_9627145_nt2365_AOS|1
CCCTTTCAGAGTGCAAGATAGCTCTATTGGATGATGTAACAGACCCTTGTTGGATATACA
>HPV5_Beta_9627145_nt2174_AOS|1

CCAAAATATAAACTTTATTGTATTCTTAAGTGCATTAAAAGAATTCTTACACTCAGTGCC
>HPV5_Beta_9627145_nt215_AOS|1
AACACCAACAGAACTGACAGAAAAAGATAAGGCAGAATTACCTTTAAGTATTAGAGACT
>HPV5_Beta_9627145_nt208_AOS|1
GGAGCCGAACACCAACAGAACTGACAGAAAAAGATAAGGCAGAATTACCTTTAAGTATT
>HPV10_Alpha_9627257_nt7080_AOS|3
TTTTGTCTCTTCAGCCATTACTTGTTCAGAAAGATACACCCCCACCGAGAAGCAGGATC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6618_AOS|3
TTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAACGGTGGGGGGCGAGACGTTG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6609_AOS|2
CTAGTGCTGTTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAACGGTGGGGGGC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6600_AOS|3
TTAATCGGGCTAGTGCTGTTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAACG
>HPV10_Alpha_9627257_nt5534_AOS|1
GTAGTACCACACAGTCCAGGGGATATAATACCACTTCCCCTTTGTCTTCTACACTTTCCA
>HPV10_Alpha_9627257_nt5527_AOS|1
GGATATCGTAGTACCACACAGTCCAGGGGATATAATACCACTTCCCCTTTGTCTTCTACA
>HPV10_Alpha_9627257_nt5520_AOS|2
TACAGAGGGATATCGTAGTACCACACAGTCCAGGGGATATAATACCACTTCCCCTTTGTC
>HPV10_Alpha_9627257_nt5513_AOS|1
TTGCTTTTACAGAGGGATATCGTAGTACCACACAGTCCAGGGGATATAATACCACTTCCC
>HPV10_Alpha_9627257_nt5506_AOS|1
GGTGATGTTGCTTTTACAGAGGGATATCGTAGTACCACACAGTCCAGGGGATATAATACC
>HPV10_Alpha_9627257_nt5499_AOS|1
TGATGATGGTGATGTTGCTTTTACAGAGGGATATCGTAGTACCACACAGTCCAGGGGATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7307_AOS|1
TATTTGTCATTTGTTTTACCCCTGAGGTAATGGGAGGAACCTTAGGTGGTGTCCTTATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7291_AOS|1
CATGTCTTTACTACACTATTTGTTCATTTGTTTTACCCCTGAGGTAATGGGAGGAACCTTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7283_AOS|1
CATGGTTACATGTCTTTACTACACTATTTGTTCATTTGTTTTACCCCTGAGGTAATGGGAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7275_AOS|1
TCTTCATGCATGGTTACATGTCTTTACTACACTATTTGTTCATTTGTTTTACCCCTGAGGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5390_AOS|1
ATCCACCTCATTTGAACTACCTGTATATAGTGGGTCAGACATTTACACGCCCACATCTTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5377_AOS|1
TTACTGTGCCTTTATCCACCTCATTTGAACTACCTGTATATAGTGGGTCAGACATTTACA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5316_AOS|1
TTACCAGTTCCAAGATATGCCTCCAATGTGTTTTCTCTATTAATACTTCCACTACCAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5309_AOS|1
TACAACATTACCAGTTCCAAGATATGCCTCCAATGTGTTTTCTCTATTAATACTTCCAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5302_AOS|1
ATCCCCCTACAACATTACCAGTTCCAAGATATGCCTCCAATGTGTTTTCTCTATTAATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5291_AOS|1
GCGCATGTCATATCCCCTACAACATTACCAGTTCCAAGATATGCCTCCAATGTGTTTTCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7703_AOS|1
GCATAGCTTTGCATTTACTTATTTCTCTTCTCCTTTGTTTCATGTTATGACTACTGTATTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7687_AOS|1
TGTTTTAGAAAGGTTGGCATAGCTTTGCATTTACTTATTTCTCTTCTCCTTTGTTTCATGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4954_AOS|1
ATACAGTGATCCCTTTTACTTTACGGCCTTCTTTGCCAGTAGAGGGTAATGGTAGACTCTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4946_AOS|1
AATCCAGTATACAGTGATCCTTTTACTTTACGGCCTTCTTTGCCAGTAGAGGGTAATGGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4927_AOS|1
TGCATCTACTACGTCCCAATCCAGTATACAGTGATCCTTTTACTTTACGGCCTTCTTT

>HPV32_Alpha_9627327_nt4909_AOS|1
CACCAATACTATAAGGGTTGCATCTACTACGTCCCACAATCCAGTATACAGTGATCCTTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4313_AOS|1
ATGGCGATGTGTGGCTGCTGCTGTGGTTTTTAGCCACAGTGTTTATTTGTATATTAGTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4298_AOS|1
ATTGTACTTTAGAAAATGGCGATGTGTGGCTGCTGCTGTGGTTTTTAGCCACAGTGTTTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4289_AOS|1
ATATGGTACATTGTACTTTAGAAAATGGCGATGTGTGGCTGCTGCTGTGGTTTTTAGCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4282_AOS|1
CGTGATAATATGGTACATTGTACTTTAGAAAATGGCGATGTGTGGCTGCTGCTGTGGTTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt7302_AOS|1
TTCGGTTGCCTATACTATAACATGTTTTGGTCTGTTTGTGCTGTTTTAGCACAAAGGTTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt4466_AOS|1
TGCCAGGTCCTACCTCCATAGTGCCTTCTAGTTCTGGATTTAATGTAACAACATCTGTGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt4457_AOS|1
AAGCTGGTGTGCCAGGTCCTACCTCCATAGTGCCTTCTAGTTCTGGATTTAATGTAACAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt4338_AOS|1
AACTACTCCATCTAGACCAGTTGAAATTCCTTTGCAACCTACCAGACCTCCTGTTATTAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt4325_AOS|1
TGCCATTACCCACAACCTACTCCATCTAGACCAGTTGAAATTCCTTTGCAACCTACCAGAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt4316_AOS|1
CAGGATATGTGCCATTACCCACAACCTACTCCATCTAGACCAGTTGAAATTCCTTTGCAAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt3909_AOS|1
ATGCATGGTTATTGCTTTTGGATTATAATTACTTTTTTACATGTGTCCCAATCCCTGTAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3138_AOS|1
CATTTGTGTATTATTGGTTGGAAGGCAAGTGGTATAAAGTGAGTAGCCATGTAGATTATA
>HPV34_Alpha_9627334_nt739_AOS|1
GTGTGTCTTACCATTGAGAGCACACACGCTGACCTATTAGTGTTAGAAGACCTGCTTATG
>HPV34_Alpha_9627334_nt317_AOS|1
AAGGTTAGACAATATAGAAGATATAACCAATCAGTGTATGGACGGACGTTAGAGAATTTA
>HPV49_Beta_9627363_nt7123_AOS|1
ATGCCCTGACAAACAACCTGCTCCAGAAAGGAAAGATCCATATGAGCAGTATAACTTTTG
>HPV49_Beta_9627363_nt6649_AOS|2
TAACAATTACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAATACTCTTGGCAGCTCCAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6639_AOS|1
TAGGTCAGGATAACAATTACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAATACTCTTG
>HPV49_Beta_9627363_nt5574_AOS|1
CCACATTTACTGTACCCCGCTTCTCTACTCCCAGATCTGATACCTTTTATGTACAAGATT
>HPV49_Beta_9627363_nt470_AOS|1
TTGCTGAGATAGTAGTCAGATGTCTCATTTGCCTTAAGAGGCTAGATTTGTTGAAAAGC
>HPV49_Beta_9627363_nt413_AOS|1
ATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAAATAGAAGGACGAGCAGCGGCTAATATTG
>HPV49_Beta_9627363_nt406_AOS|1
TTTACTAATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAAATAGAAGGACGAGCAGCGGCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7601_AOS|1
TTTAATGTTTTTTTGTTTTATACACTATGCCTTACCTATTAGTCACTTACTGTAGGCTGC
>HPV53_Alpha_9627377_nt7445_AOS|1
ACATATAGTATAGCTTATAGGTATCCATTTTAGTTTGGCGCCTTTTTGGTACCCTCCATT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7121_AOS|1
TCAGCCCCCTCCTCCAAGCGCAAACGCAAATAGTATGTTGTGTGTCTGTATTGTGTATGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7114_AOS|1
ATCTACCTCAGCCCCCTCCTCCAAGCGCAAACGCAAATAGTATGTTGTGTGTCTGTATTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7106_AOS|1
TCTACTACATCTACCTCAGCCCCCTCCTCCAAGCGCAAACGCAAATAGTATGTTGTGTGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt5495_AOS|1

ATGTAGTGTGCCCCACAGGACCCCCCTACATGGCCTTATGCACCTCAATCTCCTTTTGATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt1374_AOS|1
AGGGTCAGGAAGTGATATGGATGTGGATAGACAGGATATAATGCCACTGCAACAAATACA
>HPV53_Alpha_9627377_nt1003_AOS|1
AGGAAAGCACCGAATCTGATTTGGATGGGTTTATAGACAATAGTAATATAATATCTACAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt996_AOS|1
ACAGACGAGGAAAGCACCGAATCTGATTTGGATGGGTTTATAGACAATAGTAATATAATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt304_AOS|1
ATTCTGTTTGTCTATTTTATAGTAAGGTCCGAAAATTAAGATATTACAATTGTTTCAGTGTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7661_AOS|1
TATAAATCCTTCAATTTCCACCCATAACCGTTTCCAGTCTCGGTTGGCAAGTCACCATGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7654_AOS|1
ATAACTATATAAATCCTTCAATTTCCACCCATAACCGTTTCCAGTCTCGGTTGGCAAGTC
>HPV7_Alpha_9627389_nt5532_AOS|1
AATAATACACCAACTTCTACCTATTCTTGTATCCAGGTAATTCTACACGCATAGCAAAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4044_AOS|1
TGCATGCATATACCTGATTTCTGTGTCTGGAGCTCTTTGATGGCCACTATTTCTATTCTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt3461_AOS|1
TATACAACGACAGCCACGCACCGCCCCGAAAGCAAGGAGAGACGGAGACTTGTCCATCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt1393_AOS|1
AAGTGCTAGAAGAAAGCAGTGATGTTATACAGCAACTTAGTCCGCGTACACAGGTGGTAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt1375_AOS|1
TTGAAACGGAAGCGGTTGAAGTGCTAGAAGAAAGCAGTGATGTTATACAGCAACTTAGTC
>HPV7_Alpha_9627389_nt1368_AOS|1
GCGACAGTTGAAACGGAAGCGGTTGAAGTGCTAGAAGAAAGCAGTGATGTTATACAGCAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt1360_AOS|2
GGAGGGCTGCGACAGTTGAAACGGAAGCGGTTGAAGTGCTAGAAGAAAGCAGTGATGTTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt1343_AOS|1
TATAGAGGGGGCAGTGGGAGGGCTGCGACAGTTGAAACGGAAGCGGTTGAAGTGCTAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt7206_AOS|1
GAAAACGTCCTATTAAAACATCTGTTAAAACATCTAAAAATGCTAAGAGAAGGCGAACCT
>HPV9_Beta_9627396_nt6606_AOS|1
AAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACAGTAAGTGGGT
>HPV9_Beta_9627396_nt6591_AOS|1
TCTTTTTTGCCAGCAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATC
>HPV9_Beta_9627396_nt4763_AOS|1
TGGGGGCCAGCTAGTAGGTGGTCCTAGGGAATCATACACAGCATCTTCTGAAAACATAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt3918_AOS|1
TAGGGGAAGACAGTTGTGATAGAGTTGGAAGAGCGGAATGATTTTAGCCTTTGACACAT
>HPV9_Beta_9627396_nt3831_AOS|1
ACGCCAATGTGCTTAAGTGCTATCGCTTTCGGGAACGCAAAAAAAAAAGAGGCTTAGTAA
>HPV9_Beta_9627396_nt825_AOS|1
CTTGCTACAAATTTAGGAATTCGAGCGCAACAGGAACCTTTTGCTGGGTGATATACAACTG
>HPV9_Beta_9627396_nt789_AOS|1
GGCTGTGGTTGCGGTGCAAGACTTCGTTTATACGTGCTTGCTACAAATTTAGGAATTCGA
>HPV9_Beta_9627396_nt768_AOS|1
ACTCCCTACAAGATCGTAGCTGGCTGTGGTTGCGGTGCAAGACTTCGTTTATACGTGCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7521_AOS|1
CAGAACAACCTCACTTTCCATTGTGTAAAAACACGCCCTTTGCATTCCAACATTGATTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7511_AOS|1
TTATAACTGTGCAACAACCTCACTTTCCATTGTGTAAAAACACGCCCTTTGCATTCCAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4184_AOS|1
ATAAATATTGTGTAGATATATTTGTGTATTATGGCTAAAGCAAGAGCCCCACGCCGAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3162_AOS|1
GAACACAAAAGTGATTATGTGGATTTTAAAAAGGAAGCATCTAAGTATGGGGAATATGGA

>HPV54_Alpha_9628437_nt3153_AOS|1
ATGGATGCAGAACACAAAGTGTATTATGTGGATTTTAAAAAGGAAGCATCTAAGTATGGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2990_AOS|1
TGGTTGCTTAAAAAGACGTGGACAAACAGTAGATGTTATATTTGATGGGCATCAGGATAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1334_AOS|1
GATAGCCTAGGAAGGCAGCAAATTACAGAATTAATACATAACACAAATATTCGTGTAGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1315_AOS|1
ATCTGGGGAAACAACACTACAGATAGCCTAGGAAGGCAGCAAATTACAGAATTAATACATAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt201_AOS|1
TTTGCAAGAAGACGGTGTGTACAGCAGAGATTTATGCATTTCAATATAAGGACCTATTTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6245_AOS|1
TGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTCAGTAATTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6237_AOS|2
AGGTGTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1745_AOS|1
CAAATGCTGCTACCTTTACACATGGGTCTTATCCTAAATGGATTATAGAACAAACACTGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1629_AOS|1
ACAAACTGTTATAAGGTTATTAGTGTCTATGTTATATGTGGCAGAGGAGCAAATTTTATC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1571_AOS|1
TTACAGAAATGTCTGCAATGTTTTTATATCTGTTGTGTTTCAAGGCTGGCAAAAATAGAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt441_AOS|1
GATAGGTTGGGAAATAGAACAAAAAGAAAATACACCTCTTTTCGGACATTATTGTAAGGTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt434_AOS|1
AGAGTGTGATAGGTTGGGAAATAGAACAAAAAGAAAATACACCTCTTTTCGGACATTATTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt427_AOS|1
TTTGTAGAGAGTGTGATAGGTTGGGAAATAGAACAAAAAGAAAATACACCTCTTTTCGGAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt419_AOS|1
AAAATTATTTTGTAGAGAGTGTGATAGGTTGGGAAATAGAACAAAAAGAAAATACACCTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt193_AOS|1
ATCTTGATGGCTCAACCAGGTAAACCTCAGTCAGTGTTAGAACTTAGTAGATTATTAAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6713_AOS|1
AGATCTACAAAGCGTAGGAGAGTAAGATAGTAAAGATGTAGAATGTTTACATTATTAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5284_AOS|1
CGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5113_AOS|1
TTATTTGATAGTTACTCAGACTTTGCTTTAGATCCCTTTTTTTATTCCACGTAAGAAACGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5101_AOS|1
AATTGGTTCCCTTTATTTGATAGTTACTCAGACTTTGCTTTAGATCCCTTTTTTTATTCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4718_AOS|1
TAACTATAGGCCCTAAAGTACATTATTATATGGATTTGTCTGCAATATCAACAGAAGCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4228_AOS|1
GATTCTTATACACAACTATCTTGCAAACACAGGTAAACCCATTTTTAAATAATGCTATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4217_AOS|1
AGTTGTTTTATGATTCTTATACACAACTATCTTGCAAACACAGGTAAACCCATTTTTTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2990_AOS|1
GATCTAAATGGTGATTTTGTATACTTTACTTTATTTCAACCTGATGCTGTAAAATATGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2327_AOS|1
TAACAACTGATGAATCTCTATTTTATTTGAGAAGTAGACTTACGTGTTTCAATTTTCCGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2319_AOS|1
TGTTAATGTAACAACCTGATGAATCTCTATTTTATTTGAGAAGTAGACTTACGTGTTTCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6292_AOS|1
AAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTTCTTATATGTACTCAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5145_AOS|1
TGTTTTAGATTATTCAGATTATGATTTACATCCAGGTCTTCTTCCAAAAAGAAGACGCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5096_AOS|1

TAGATGCATCCTTGATAGTAAAATCAAATGTTTCTGAACAGCCCCCTTTTGTTTTAGATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4938_AOS|1
CGATGTTGAACATAATTTTACAGAGTCTCATTTAGTTATACCAGCTACTGATGAAGAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4929_AOS|1
ATTAACAGACGATGTTGAACATAATTTTACAGAGTCTCATTTAGTTATACCAGCTACTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4274_AOS|1
TTAATCCCTTCATAAATCCAGACATAAATAATGTTAATGTATTAGTTGACCCAGCTTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4251_AOS|1
AGCAGCAACTTTTGAAACACAGATTAATCCCTTCATAAATCCAGACATAAATAATGTTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4244_AOS|1
CTACTATAGCAGCAACTTTTGAAACACAGATTAATCCCTTCATAAATCCAGACATAAATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1337_AOS|1
GTACACAAAATTGGATTATTGTAGTTTTTGCCGTGTCAGAAGATTTAATTGAAGCTTCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5555_AOS|1
AGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAAATCAGTTTAGAGTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5049_AOS|1
AAACTACAAATGAAGGCCTAATACCTGACAATATACTAGAGGATGAATTTACAGAAAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5042_AOS|1
TTAACTGAACTACAAATGAAGGCCTAATACCTGACAATATACTAGAGGATGAATTTACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4903_AOS|1
AACTATTGGTCAGAAAGTTCACCTTTTATTTTGATATTAGTGATATTCAGCTGCAGAAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3700_AOS|2
ATACCACACAACGAGATGTTTTTATGAAATTAGTAACTTTGCCAAGAGGTTGTACATATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3684_AOS|1
TTAGTTGTTTTTAATGATACCACACAACGAGATGTTTTTATGAAATTAGTAACTTTGCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3659_AOS|1
ACCAGAATCTTCTAGACATAAATTGTTAGTTGTTTTTAATGATACCACACAACGAGATGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3650_AOS|1
CATAGACGTACCAGAATCTTCTAGACATAAATTGTTAGTTGTTTTTAATGATACCACACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt7738_AOS|1
GTGTTTGACAGGTTGCTAACACACACAGTTTGAACAATGCTCCATCTATCTTTTTTGAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7533_AOS|1
TATTGTTGCACGCCTTATTTTGTGCAGCTTCCCCATTTCTGTGTTCCCTGTGTTCCGGTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4298_AOS|1
AATACTGTTGTACAGGCTTTTACATTAGGTGGTGTACCTTGTGTGTTTTCCCTCCCCACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4291_AOS|1
TTATTGCAATACTGTTGTACAGGCTTTTACATTAGGTGGTGTACCTTGTGTGTTTTCCCT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4243_AOS|1
TGGATCAGCAAACTGCGGATTGTTATTTTTGTTTTTGCTATTACTGCTTATTGCAATAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt4234_AOS|1
TACTGGTTGTGGATCAGCAAACTGCGGATTGTTATTTTTGTTTTTGCTATTACTGCTTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4221_AOS|1
CAGGGGTTTGCACTTACTGGTTGTGGATCAGCAAACTGCGGATTGTTATTTTTGTTTTTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4187_AOS|1
TTGCAATATGTATCCCCTTGTAGTTAGTTCCCCTCAGGGGTTTGCACTTACTGGTTGTGGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt3134_AOS|1
CAGAACTGATCTGTGGTATAAGGTTCCCTGGAAAAGTGTCATATAAGGGCCTATATTATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt3127_AOS|1
CAAAGCACAGAACTGATCTGTGGTATAAGGTTCCCTGGAAAAGTGTCATATAAGGGCCTA
>HPV20_Beta_1020162_nt7671_AOS_rc|1
TCTTCTGCTGTGCCAAAAAGAAGAGCCAAAAGCGTTGGCAGCCTTACATTTCTCCTGTT
>HPV20_Beta_1020162_nt7644_AOS_rc|1
AAAAGCGTTGGCAGCCTTACATTTCTCCTGTTCCGAACGTGTTGGGACGATGAAGTTTG
>HPV20_Beta_1020162_nt5062_AOS_rc|1
TTCTGTTAGTAAGGCCTCCTCTACGCCTGAACACATTTTGAAGTCTTTGCATAGGTGTGC

>HPV20_Beta_1020162_nt4799_AOS_rc|1
GTGCGGCTGACTCTGACACGAGCTGGAGGTGTTGGTCTGGTGCTACCTCTAGAACTGCA
>HPV20_Beta_1020162_nt4740_AOS_rc|1
ACTAGAACCACCTGGTAGTAGATGTAAGTGGTGTATCAGTTGGTGGCCTTGAGGGGCCTGG
>HPV20_Beta_1020162_nt4733_AOS_rc|1
CCACTGGTAGTAGATGTAAGTGGTGTATCAGTTGGTGGCCTTGAGGGGCCTGGATGTATT
>HPV20_Beta_1020162_nt217_AOS_rc|1
TAAGATTGGAGGTTTTGCCTCTCCAATATTAGATGGTCCTTCATCAGCGCTGTCTTCTGA
>HPV20_Beta_1020162_nt179_AOS_rc|1
CTTCATCAGCGCTGTCTTCTGAAGAAGGAGGTGTAGCCATGTGCCTGCACTCTCTGCATT
>HPV20_Beta_1020162_nt170_AOS_rc|1
CGCTGTCTTCTGAAGAAGGAGGTGTAGCCATGTGCCTGCACTCTCTGCATTAGCTCTATG
>HPV20_Beta_1020162_nt155_AOS_rc|1
AAGGAGGTGTAGCCATGTGCCTGCACTCTCTGCATTAGCTCTATGATATCTGTCTATATG
>HPV21_Beta_1020170_nt7013_AOS_rc|3
AAATATTCTTGAAAGCTCTCGGCTTTATAATTTTCAATTTTAGACACGTCTGCATTCTCA
>HPV21_Beta_1020170_nt7006_AOS_rc|2
CTTGAAAGCTCTCGGCTTTATAATTTTCAATTTTAGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTA
>HPV21_Beta_1020170_nt6999_AOS_rc|2
GCTCTCGGCTTTATAATTTTCAATTTTAGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAAT
>HPV21_Beta_1020170_nt5549_AOS_rc|1
TCTGAATGTGCACTAAAATCTTCAGAAAGAGGGTTTTTCATCAACGTTAATATCAATAAAT
>HPV21_Beta_1020170_nt5162_AOS_rc|1
AACTGCACTAATCTAGAAGGCCTGGATACAAACAAAGGATTCTCTACATTAACCTGTTGA
>HPV21_Beta_1020170_nt282_AOS_rc|1
AATGGTATCTCTAACAGATTGGCTAGGTCACGAATTGTAGCTGGTAATGGTGGCTCTAAA
>HPV21_Beta_1020170_nt273_AOS_rc|1
TCTAACAGATTGGCTAGGTCACGAATTGTAGCTGGTAATGGTGGCTCTAAAAAGCTAGAT
>HPV21_Beta_1020170_nt266_AOS_rc|1
GATTGGCTAGGTCACGAATTGTAGCTGGTAATGGTGGCTCTAAAAAGCTAGATGTATTTT
>HPV21_Beta_1020170_nt257_AOS_rc|1
GGTCACGAATTGTAGCTGGTAATGGTGGCTCTAAAAAGCTAGATGTATTTTCTTCTCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt6715_AOS_rc|1
GGCGCATAAATTCTCTGATTTTTTTAGCATCATAATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTTGCCA
>HPV22_Beta_1020178_nt3899_AOS_rc|1
CATTTGTTGCAAGCACTTCTCTCTTTCCCTATCTGTATGAAATGATATTAGTATCCTAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt3889_AOS_rc|1
AAGCACTTCTCTCTTTCCCTATCTGTATGAAATGATATTAGTATCCTAGAGCGCCCGATT
>HPV22_Beta_1020178_nt3877_AOS_rc|1
CTTTCCCTATCTGTATGAAATGATATTAGTATCCTAGAGCGCCCGATTCTATCGGTTGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt845_AOS_rc|1
CACAAAAGTTTTACAGGTCCAAGTAGAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTT
>HPV22_Beta_1020178_nt837_AOS_rc|1
TTTTACAGGTCCAAGTAGAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTAT
>HPV22_Beta_1020178_nt413_AOS_rc|1
CACGACCATACAAAGTAACCTTGATAATACTGCTGAAATTCAAATTGGGCTGAAGCGTAGG
>HPV22_Beta_1020178_nt406_AOS_rc|1
ATACAAAGTAACCTTGATAATACTGCTGAAATTCAAATTGGGCTGAAGCGTAGGCACAGCC
>HPV22_Beta_1020178_nt181_AOS_rc|1
CAGTGGTCTTTGCAAAGCCATGAATACAGAATAGCAGCCCATCCTACTTAAATAATATGC
>HPV23_Beta_1020186_nt5544_AOS_rc|1
TAAGTAATAATCAAAAGACTTGTCCAATGTGTGTATGACTACAGCAGGGGCACTAGGTAA
>HPV23_Beta_1020186_nt5536_AOS_rc|1
AATCAAAAGACTTGTCCAATGTGTGTATGACTACAGCAGGGGCACTAGGTAAAGGGAAATA
>HPV23_Beta_1020186_nt5529_AOS_rc|1

AGACTTGTCCAATGTGTGTATGACTACAGCAGGGGCACTAGGTAAGGGAAATATTATAGT
>HPV23_Beta_1020186_nt5258_AOS_rc|1
GTATCCTGAATAGCCTCAACATCATCTAAGTTCATATCTATTACAGTGCTTTGCAGAGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt5246_AOS_rc|1
GCCTCAACATCATCTAAGTTCATATCTATTACAGTGCTTTGCAGAGGTTCTCAATAACT
>HPV23_Beta_1020186_nt3888_AOS_rc|1
TACATTTTTTCCCTTTCATGATTAGAATGAAATGCTATTAACATCCTTGCACGCCCTACTC
>HPV23_Beta_1020186_nt3870_AOS_rc|1
GATTAGAATGAAATGCTATTAACATCCTTGCACGCCCTACTCTATCAGTAGAATGACCCC
>HPV23_Beta_1020186_nt3108_AOS_rc|1
GTCCTTCAACCTTTTCCCAAGTGTCTCATCAGTTTGATAGTAAATATAAGACCATACTG
>HPV23_Beta_1020186_nt1400_AOS_rc|2
TATGTAGCAACACTGCTTTAGCATTTTTTACATCTTAACAACTTTCAATATGTCCCAGCC
>HPV23_Beta_1020186_nt209_AOS_rc|1
TCAGTGGTCGCGTCGAGTCCATCAATAATTTGGTGTAGCACATCCTACTTAAATAATGCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7201_AOS_rc|1
AAACACAGTAGTGCTACTTTTTGGCGCGTTTCGTTTTGCAGCAGACGATCCTCTCGTGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt4240_AOS_rc|2
TAGAAAAGGCAGTGGCTCAATAGCACACTGGGATATACACAGTACTTAAAAATACATTGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4222_AOS_rc|1
AATAGCACACTGGGATATACACAGTACTTAAAAATACATTGTGGTGACCAACTAACACAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt4101_AOS_rc|1
AAATATAAAACAACAATAGATACACGTCATCTGGCTCCAGAAACAGGACAGTATGATC
>HPV28_Alpha_1020202_nt4050_AOS_rc|1
AGTATGATCGCCATTGTTGTCCCTTAGCACCAAAGGATACATAGCAAGGCTTATGTATTG
>HPV28_Alpha_1020202_nt3090_AOS_rc|1
CATCACTATAGTTCTGAGTAAATATGTCTCTCCAGTGTACATAACACATGGATTTGGTTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt1472_AOS_rc|1
AATCTAGGCAAACGGTTTTGCTACTTTTGAAGTGTCTGGATAAGTTCATTAAATCCCAACC
>HPV28_Alpha_1020202_nt68_AOS_rc|1
TATGTTTTTTAGGCCGTTGGTCATCCATTGAGCTTCTGCCATTCAATGTAAGCCTCTTTTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt5616_AOS_rc|1
TTGTGCAGAGGAGGGCAGAATAATATCAGGGCCCGTGTGTAAAGGCACATCAACTGGCGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6608_AOS_rc|1
GAGTTTCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6601_AOS_rc|1
TCGCCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6594_AOS_rc|1
TTGTTACCCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGATTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt5609_AOS_rc|1
GAGGAGGGCAGAATAATATCAGGGCCCGTGTGTAAAGGCACATCAACTGGCGACACGAAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt5602_AOS_rc|1
GCAGAATAATATCAGGGCCCGTGTGTAAAGGCACATCAACTGGCGACACGAATGGAATAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt4180_AOS_rc|2
ATAATCCCAAATGTCTATAAACTATAAAATAACAACAGGCATACCATTAGTATTAACAATC
>HPV29_Alpha_1020210_nt4031_AOS_rc|1
GTGTTTCGTGCAATGTGCTGCACAACTTGTAATATAGTGCCACCAATCCTAGGTATAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt2580_AOS_rc|1
TAAACTGGCTCTCCTTTACTTGTTAATGGACATGGATTGCTGAATGTGAATACCTGCAGT
>HPV29_Alpha_1020210_nt2090_AOS_rc|1
AGTCCCCCTCTCCCTGTACTTTGTTGCTTCTAAACCGTATCCACTCAGACATGGACATTC
>HPV36_Beta_1020218_nt7389_AOS_rc|1
CGGTCAATATTACTGTTTTTCGCTTGCCTTGGTTTCCTCTGGTGAACCCCTCGATAAGACACT
>HPV36_Beta_1020218_nt6951_AOS_rc|1
TCTGCAGTGTAATCATTGATGTCCTTTAGTGCCCCATTATTGTTATATATTGAAATACTA

>HPV36_Beta_1020218_nt6695_AOS_rc|2
CAGGAATGAAAACTGATTCTTAAAAGTCCCATTATCAATTCTGGCGTCAGGGATGTCGT
>HPV36_Beta_1020218_nt5518_AOS_rc|1
CAGAAAAGGCTTCCACACTTTCAGACAAAGGATTTTCAGACACATTTACGTCTATAAATG
>HPV36_Beta_1020218_nt3618_AOS_rc|1
CCCCTTCTAGAGGTGCTTCTGGATCGTGATCTGGTTGATACCCGCTGGACCCCAGTCTTG
>HPV36_Beta_1020218_nt3611_AOS_rc|1
TAGAGGTGCTTCTGGATCGTGATCTGGTTGATACCCGCTGGACCCCAGTCTTGGCGAGCG
>HPV36_Beta_1020218_nt260_AOS_rc|2
AAGGTATTAGACAGTCTACAAACGGAATGCCTAATGATTCTGACAGGCCCTTAATAGTTA
>HPV36_Beta_1020218_nt253_AOS_rc|1
TAGACAGTCTACAAACGGAATGCCTAATGATTCTGACAGGCCCTTAATAGTTAAAGGCAG
>HPV36_Beta_1020218_nt183_AOS_rc|1
TCTTTTTCTGTAATATTCTGCTGTTCCGAGGCTTGCTCTGCCATTTGCCCTAATTATTAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6568_AOS_rc|1
CAGTGGGAAAATAGGTAGAATTGCCTAACAGATACTGCTGCTGGTCTGATTGGCAGGTA
>HPV37_Beta_1020226_nt6538_AOS_rc|2
GATACTGCTGCTGGTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATATTTGTGGTCCTGATTAAACAGTGC
>HPV37_Beta_1020226_nt6312_AOS_rc|2
TGATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAATATTTCCGAACCCCTATATCAAACATGTC
>HPV37_Beta_1020226_nt6084_AOS_rc|2
ATCATCCCGTGACCCCCCTTGGTAATTACTATTATTCTCAGTGTCCTTAATTTATTAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt5579_AOS_rc|1
GCCTCTCCAAATCTAATAACTACAGTTGGTGTTTCAGGTTGTGGCAAGATAACTTGTGTT
>HPV37_Beta_1020226_nt5337_AOS_rc|1
ATTAAATCTGTGTCATCTGCCATAGTAGACTCTTGTTGCCCTATATTTAAGGGACCTGG
>HPV37_Beta_1020226_nt4929_AOS_rc|1
AAACTGTACTAATTGTGAGGGTCTACTCAAGAATAAAGGATCCGTGACTGCTACCTGTTT
>HPV37_Beta_1020226_nt2743_AOS_rc|1
TAATGAAACAGGATCTGCTCCTGCCTTAGAAGTTGCCAATGCATAATTTGGGTCTCTAGG
>HPV37_Beta_1020226_nt2736_AOS_rc|1
ACAGGATCTGCTCCTGCCTTAGAAGTTGCCAATGCATAATTTGGGTCTCTAGGTCATCTC
>HPV37_Beta_1020226_nt415_AOS_rc|1
CTTTTGCTCTATCTCTTCTATCTCCCTCCCCTAACTGAGTGCTCATAGAACTGGTAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt7129_AOS_rc|2
TGGGTCCCTTTTGCGTTTTACAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCA
>HPV38_Beta_1020234_nt7118_AOS_rc|1
GCGTTTTACAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTTCGTGC
>HPV38_Beta_1020234_nt5426_AOS_rc|1
TATCCTGATAATATATGTTAGGATTTTGAGGAGTCTGAAATCTAGGTACAGTGATTGACG
>HPV38_Beta_1020234_nt5413_AOS_rc|1
TATGGTAGGATTTTGAGGAGTCTGAAATCTAGGTACAGTGATTGACGTAGTGATCTGCG
>HPV38_Beta_1020234_nt5269_AOS_rc|1
ATCCATAGAAGTTTCTGTAAGAACACCTTCAGGAACCTCAGTCACATTTACATCCACTAA
>HPV38_Beta_1020234_nt5262_AOS_rc|1
GAAGTTTCTGTAAGAACACCTTCAGGAACCTCAGTCACATTTACATCCACTAAAGTGCTT
>HPV38_Beta_1020234_nt4509_AOS_rc|1
TCAGCCACTTCCAATATAGCATTGGTATTGCGGCCCTCCACTCACAACAGGGGTATCAATT
>HPV38_Beta_1020234_nt4492_AOS_rc|1
AGCATTGGTATTGCGGCCTCCACTCACAACAGGGGTATCAATTTCTATAGGGTCTATAGG
>HPV38_Beta_1020234_nt3858_AOS_rc|1
TTTGTGATTCTGAATAAAAAGCTAGAAGCATTCGTGAGCGCCCTATGCGATCATTGATG
>HPV38_Beta_1020234_nt185_AOS_rc|1
ACTTATCACTGAGCTGCTGCACAGTTTGAGGTTTTGGTAGTTCCATGAATACATCCCAAG
>HPV44_Alpha_1020242_nt6716_AOS_rc|2

CATGTATTGCTTATATTGTTCACTAGTATATGTAGACGGAGGGGACTGTGTAGTGGCAGC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6494_AOS_rc|1
GTATATGGCATTAGGAAGTGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAAT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6483_AOS_rc|3
TAGGAAGTGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCTCTCCAA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6474_AOS_rc|1
TACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCTCTCCAACCGTTCCCG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7066_AOS_rc|2
AGGAAGAGGTAGGAGCCGCCGCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7410_AOS_rc|1
AAATGGCGTACAGCACTAAAATGGAGTTTGGTGTGTACTATAGTGCATACAAACAACCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7059_AOS_rc|1
GGTAGGAGCCGCCGCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCTAGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7052_AOS_rc|1
GCCGCCGCCCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCTAGGGCCTAGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6681_AOS_rc|2
CACATGGCGAAGGTATTGATTGATTTCACGGGCATCATATTTAGTTAATGTGCTTTTAGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6179_AOS_rc|1
TCACCGTCTCTATCGGGGTATTAATAATGCAAGAGGTGGACAATCCCCTGTATTACCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6171_AOS_rc|2
CTCTATCGGGGTATTAATAATGCAAGAGGTGGACAATCCCCTGTATTACCTGGTGTAGA
>HPV66_Alpha_1020290_nt249_AOS_rc|1
AACATACCCCTACATACTGCATATGGCCAATTGTTTCTATATACTAGTTTTAACTCAATAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6816_AOS_rc|1
CAGATAACTAATTCGGTTGCTGGAAGGCTGAGTAATCTTGTTGTTGAAACTTGCAAAGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6476_AOS_rc|1
AACAAAAATATAAAGTGCATGTGCAACACAGGTAATGCCATAGATTAAACCCCCCGTCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6190_AOS_rc|1
CTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGCGGTGGTACAAACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5349_AOS_rc|3
CTGAGTTTGCTTTGGGTCCATAGAGACACTTTGTCTGTTTTCTTTCTTCTGTTTAAACATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5338_AOS_rc|1
TTGGGTCCATAGAGACACTTTGTCTGTTTTCTTTCTTCTGTTTAAACATAACTATTAGGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4028_AOS_rc|1
AAATGTGGCAGACCCCTGTGTTTCCACAAATGTTTCTAATGGTATAGATTCCCCAATATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4002_AOS_rc|1
CAAATGTTTCTAATGGTATAGATTCCCCAATATTGACAACAGATCCTTCTGTTACAGCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3992_AOS_rc|1
TAATGGTATAGATTCCCCAATATTGACAACAGATCCTTCTGTTACAGCACCCCCCTATAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3346_AOS_rc|1
ATATTTTCCACAGTATCCCGTTTTTGTGCGTTTTTCGGTTGTACATCCATGTAAGCTATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3254_AOS_rc|1
TGTAAGGGTTAGGATAATATACAGGGGACCATTGGCAGCATTATTGGCTTAAAATGAATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6831_AOS_rc|1
CAAAACACATGAGTAATACATTTGTTAAACATGAACATACCTGCTGGCAAAATTGGCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6652_AOS_rc|1
AAATACTGCCCTGAGTCAGAAGAAATAACTCATACAACGACAATGTTGACATGCTACATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4092_AOS_rc|1
GAAGACCCCTCTGTTTCAACAAATGTGTCTAAAGGTATAGATTACCTATACTAATAACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3337_AOS_rc|1
AAGAAGTATAATATACAAGGTACACAAAATCACAAGAGGCAGATGTGATGCTATTTACAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3330_AOS_rc|1
ATAATATACAAGGTACACAAAATCACAAGAGGCAGATGTGATGCTATTTACAAATAGGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3225_AOS_rc|1
AAAACGTGTACCCTTTGGTAACCTTCACAGTATGTAAAAACCTTTCCCGTTGGCTATTAT

>HPV101_Unclassified_109390389_nt3218_AOS_rc|1
TGTACCCCTTGGTAACTTCACAGTATGTAAAAACCTTCCCGTTGGCTATTATTTCTAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2669_AOS_rc|1
GGTAACAGAATTAGATATTATTTCACTTTCAGTTCGTAAGTTCATTTGCTGCATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt980_AOS_rc|2
GATTTATAATTTGCAGGTATTCACAATGTGGTTGCAGTAATGTTTTTGCTGCCTCCAGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt903_AOS_rc|1
AATATCCCCGCTATCCAAGTGCAGCAACAGCTTTTATTACTTATGAATGGTCTTGTTAAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7811_AOS_rc|1
GTTGCACACAGGTCTGTAAAAATATTAGTCACAAAATATAACTTGCACCAAACGACACAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5310_AOS_rc|1
ATTTTGTAGACACTGTAGAAGGTATAGAAGGAAATGAAAGATGGGACCTAGGTCCTGTAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5272_AOS_rc|1
AGATGGGACCTAGGTCCTGTAGAAGTGTATGAGAAGTAGTATGTAACATTGCATTATCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1486_AOS_rc|1
CTTTTTGGTTATTAGCCTGTAATACTGTTTTTAGCTGTGCAGTAGGTGACTGTGGATCTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1479_AOS_rc|1
GTTATTAGCCTGTAATACTGTTTTTAGCTGTGCAGTAGGTGACTGTGGATCTTGATTCTC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1471_AOS_rc|1
CCTGTAATACTGTTTTTAGCTGTGCAGTAGGTGACTGTGGATCTTGATTCTCACTATCAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt1267_AOS_rc|1
CTGGTACTGAATACACGTTTGTCTTGCTGTTTATTGCATATGTTTACCGGGAGCTCTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1260_AOS_rc|2
TGAATACACGTTTGTCTTGCTGTTTATTGCATATGTTTACCGGGAGCTCTTGAGTGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1247_AOS_rc|1
GTTCTTGCTGTTTATTGCATATGTTTACCGGGAGCTCTTGAGTGTACCCTTTGTTCC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1237_AOS_rc|1
GTTTATTGCATATGTTTACCGGGAGCTCTTGAGTGTACCCTTTGTTCCCTATGTACGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7864_AOS_rc|1
CCAAAAACGTACTTAGGCGAACATAGTCAGCACAACTATATGCCCCAAACAATGGGTATT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7842_AOS_rc|1
ATAGTCAGCACAACTATATGCCCCAAACAATGGGTATTGCACGGTGAGTAACACATGTAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6548_AOS_rc|1
TAAATGTCTTAAACATTGCTCTCGGCGCAAGAAAAACATGCGATCACCAATGGCTCTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5507_AOS_rc|1
TAGTAGGTGTAGGCCTGCTGGACACAGAAGTAGGTTGAATGACAGTATCATTGGAATAAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4272_AOS_rc|1
GGTACCTACTGCATCAACCGTAACAAAAACAGAAGCAACATAAGACACACCAACACTAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4035_AOS_rc|1
TAAGGGACGCTGCTGCCTGTATATATAGTGCTAGAAACCCAAGAAACACAGTAACAAAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4028_AOS_rc|1
CGCTGCTGCCTGTATATATAGTGCTAGAAACCCAAGAAACACAGTAACAAAAAAATTAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3186_AOS_rc|1
CCCATATATTACTGCTTCCTTGGAGAATAATACACAGTCTACACGTATCCCATCGTGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt7432_AOS_rc|1
GTGTTTCCTCGAGATCCAGCCAAGTCTTGTCTTGTGTTGGCACCGACAGCGATATATAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6610_AOS_rc|1
AAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt5546_AOS_rc|1
GCACATATAAAGTAGTTTTCCCTTGGAGAATAAATCTGGGTACAGTGACAGAAGTGGTAG
>HPV107_Beta_126131393_nt5407_AOS_rc|1
AAATTCAGAACTTTCAAGCAATTCTGGAGTATCCCTTACATTAATATCCACCAGTGTACT
>HPV107_Beta_126131393_nt3976_AOS_rc|1
ACTATGTTCCCCATCCAGGACCAGGTACTACTAAAATACTTATAGTTTCCCTTTGTGCTT
>HPV107_Beta_126131393_nt3969_AOS_rc|1

TCCCCTATCCAGGACCAGGTACTACTAAAACTTATAGTTTCCTTTGTGCTTTTTGCGT
>HPV107_Beta_126131393_nt901_AOS_rc|1
TCTTGAAGCAAAAGATCCTGCAATGCCCGAATGCCAAAATGGGTTGCAAAAACGTAGAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt506_AOS_rc|1
ATACTTTGCTGAGTGATCTCCTCAATCTGCTTACCTACAACCTGAAATTCAAAATGATTT
>HPV107_Beta_126131393_nt295_AOS_rc|1
AGTCTTCCACTGGTATATTAAGATGCTGTGTAAGCTGTACGATTGTCCTTGGCCTGTCCA
>HPV107_Beta_126131393_nt288_AOS_rc|1
CACTGGTATATTAAGATGCTGTGTAAGCTGTACGATTGTCCTTGGCCTGTCCATGAGCAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7808_AOS_rc|1
ACTGTATCATTTGTTGTAAAGTATAAGAAAAAGTATGAATAACATAGCAACCGAAACGGG
>HPV84_Alpha_12958167_nt4166_AOS_rc|1
AAAAGCACTTTAAAACTGCATAACACGGTGGCACAGCCAAAGTAAAAATAACAATTAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt4151_AOS_rc|1
CTGCATAACACGGTGGCACAGCCAAAGTAAAAATAACAATTAAAGCAAAAATAATAGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3767_AOS_rc|1
TTTGCCAGGTATGTAGGACATACACAATTGTTACAAATGGCTCAGTAATACAGCATTTAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt3715_AOS_rc|1
GCATTTACACTATACATATACAATGGGTACTGTTTACATAACCATAGACATACTACCAAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3707_AOS_rc|1
ACTATACATATACAATGGGTACTGTTTACATAACCATAGACATACTACCAAGTGTGGCTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt3700_AOS_rc|2
ATATACAATGGGTACTGTTTACATAACCATAGACATACTACCAAGTGTGGCTACAATGCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt3622_AOS_rc|1
TGCCAAGAGCTGTTTGCCTTGGTCCGTACTTTTATACCATAGTGTACATATGATGTTTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt2433_AOS_rc|1
ATCCAGTGGGCACTTGTTTAAAAAGGGAAAAATAACCATTCGGCTGCGTAAGTATTTAAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt2426_AOS_rc|1
GGGCACCTGTTTAAAAAGGGAAAAATAACCATTCGGCTGCGTAAGTATTTAAATGTGTCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5486_AOS_rc|1
ATTGTCATAATGGGAAGAGGATAGTATGGACGTGGCCGACACCTTTGTAGATGCTGTAGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6572_AOS_rc|2
TAAGTCTTAAAGAGGCCCTAGGGCCAGACGACGCCCCCTTCAAAAAATAGGTGTCAGGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3861_AOS_rc|1
GTATATGTCAGGTATGCAAAATGTATTATACAGCTAGGTTACATACAGGTACACCAATGT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3854_AOS_rc|1
TCAGGTATGCAAAATGTATTATACAGCTAGGTTACATACAGGTACACCAATGTATACAGT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3845_AOS_rc|1
CAAAATGTATTATACAGCTAGGTTACATACAGGTACACCAATGTATACAGTATTATGCAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt2525_AOS_rc|1
TGTGTAGAAAACGGAAACACCACCATCTGCTCCGTAAATACTTTAAACTGTCATCTGCCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7927_AOS_rc|1
ACTATAAAACCATGAGACATAGGGGAGCGACCGGAGTAGAATGTTTTAACACGTTTGTAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7920_AOS_rc|2
AACCATGAGACATAGGGGAGCGACCGGAGTAGAATGTTTTAACACGTTTGTAAAGGGCTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7261_AOS_rc|1
AACAGTATGACATGTTACTTTTTGCGCTTTTACGTTTAGTAGGGGCGGGGTCGAGGTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7254_AOS_rc|1
TGACATGTTACTTTTTGCGCTTTTACGTTTAGTAGGGGCGGGGTCGAGGTAGAGCTTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6830_AOS_rc|1
GTGGCGAAGATACTCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5628_AOS_rc|1
TGCGTAGAGGGTACAAGAGGCATTGTAGGTACAGGGGCAGGAGCAAAGGACAAATCAATG
>HPV72_Alpha_1491683_nt5497_AOS_rc|1
AACAGCAGACGCTGCAGACAGGGACGGGCTGTGCAATGATGTAGAAGACACAGAAGCACG

>HPV72_Alpha_1491683_nt5398_AOS_rc|1
ATATGTTATGTCTGGCTGCGTAGAGGAGGCCAAGGATTGCATTTCAATAGTATCAGATGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt4200_AOS_rc|2
CAAGAAGAACCACAATCCACAATTATCGTCTCGTAGTACAATTAATGCACCCCCATCCGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt128_AOS_rc|1
GCAGGTAATCCGTAAATCTTCTAGGTCCACCTCAATTTTCCTTGCACAGCAACCAAATATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7206_AOS_rc|1
GCGACTATACAAAATGGAAGCACAGTAGTCAAGTAAACCACCCACACAACACACATATAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6277_AOS_rc|1
CAGTATTGCCTGTGCCTTTAATCATTAGGTCATCTGGGATTTTATCACCGGTATCACCAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt4315_AOS_rc|1
GTAACAACCTGATGGTCGTATAGGTTGTAATGGAATTTCAACTGGTTTAGATGGTGTGCCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4308_AOS_rc|1
CTGATGGTCGTATAGGTTGTAATGGAATTTCAACTGGTTTAGATGGTGTGCCTGTAGATA
>HPV73_Alpha_1491692_nt4300_AOS_rc|2
CGTATAGGTTGTAATGGAATTTCAACTGGTTTAGATGGTGTGCCTGTAGATAATGGAACG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1319_AOS_rc|1
GACCCACTACTGCTTTCACGTGGCGACACAATTTGGTTGCCTTCTTCATTAACATTTTGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt1311_AOS_rc|1
ACTGCTTTCACGTGGCGACACAATTTGGTTGCCTTCTTCATTAACATTTTGTAAACACCC
>HPV73_Alpha_1491692_nt1304_AOS_rc|1
TCACGTGGCGACACAATTTGGTTGCCTTCTTCATTAACATTTTGTAAACACCCTACCCCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt1295_AOS_rc|1
GACACAATTTGGTTGCCTTCTTCATTAACATTTTGTAAACACCCTACCCCTGCCCCAAGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt734_AOS_rc|1
AGCAACTCTTCTATCACTCTTAAATCAGCTTTGTTGCTTTCAATGGCAAGGCATACTGTG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7836_AOS_rc|1
TTAACTACATGATTGTTGTTAAGTATAAAGAAGGAAGTATGAATAATACAGCGACCGAGT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6700_AOS_rc|2
CTTAGATATTCATTAACTTAGAGGGGTCATATTCAGAGGCCTTCTGGGTAGCGGCACTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5377_AOS_rc|1
ATATGTGGAAGATACCATAGATGTGGCGGACACTGTAGCAGAGGATACAGGCGTGGTGGA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5368_AOS_rc|1
AGATACCATAGATGTGGCGGACACTGTAGCAGAGGATACAGGCGTGGTGGAATGCAATGA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5344_AOS_rc|1
TGTAGCAGAGGATACAGGCGTGGTGGAATGCAATGAGGGAACGGAAGGCTCCTGTAATAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5337_AOS_rc|1
GAGGATACAGGCGTGGTGGAATGCAATGAGGGAACGGAAGGCTCCTGTAATATAGAGGAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5329_AOS_rc|1
AGGCGTGGTGGAATGCAATGAGGGAACGGAAGGCTCCTGTAATATAGAGGATAGGTGTGT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5322_AOS_rc|1
GTGGAATGCAATGAGGGAACGGAAGGCTCCTGTAATATAGAGGATAGGTGTGTATCATCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt1560_AOS_rc|2
CATACGCTTTTCTGGAATATTTAGTATGGTTCCCTAGGCACCTTTGCTACGGTTTCTCTGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6130_AOS_rc|1
TGAGATCCCATTTTAAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5089_AOS_rc|1
AGGATATGAAACTATAATATCTGCATAATCATCTACAAAAGCTTTTATTGCTGCGCCAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5024_AOS_rc|1
GAGTAGGAACAGATATAAGTTCATCCTCTCCTCAAATGCACAAATAAGTGAATATTAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4847_AOS_rc|1
TAAACTCCCCCTAAATTAGAAAGCTCAATAACATCAGGCTCTATAGGTTCAATTGCACTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4540_AOS_rc|2
TGAAGGCCGGGTAAAAAGTCAACATTGTCTGTTCTGATTTGTTGAATGTAACGATTATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4533_AOS_rc|1

CGGGTTAAAAAGTCAACATTGTCTGTTCTGATTTGTTGAATGTAACGATTATATAAGCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4526_AOS_rc|1
AAAAGTCAACATTGTCTGTTCTGATTTGTTGAATGTAACGATTATATAAGCTTCTGGCCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3715_AOS_rc|1
CAAATTCTCAGCAGTGTACGTTTACTTCTGGTTTTATACATAGTTACAATGAATCAAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3683_AOS_rc|1
TTTTATACATAGTTACAATGAATCAAGGTAACCAAATGCGTAGGTTGTACCCTTTGGCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2902_AOS_rc|1
TAATAAATATGTTCCCATTGTGTGTAGGGAAAAGCTGTTTTCTCGATCATTATCAAAGTAC
>HPV110_Beta_186461194_nt5522_AOS_rc|1
TGTATGACCACAGTTGGAGTATCAGGTAGTGGGAGTATAATTTTCAGTGTGTCTCTAGAT
>HPV110_Beta_186461194_nt5286_AOS_rc|1
ATCTGGTTCTTCTATTTCCATTGATTCAAACGCCCCAACATTTAAAGGATCTGGCTCGTC
>HPV110_Beta_186461194_nt5279_AOS_rc|1
TCTTCTATTTCCATTGATTCAAACGCCCCAACATTTAAAGGATCTGGCTCGTCTATATTA
>HPV110_Beta_186461194_nt760_AOS_rc|2
AAAATTTCTTGCTGAGTACGAATTCACAAAACGTTTGCAAGCACAAAAAGCCGAAGTCGC
>HPV110_Beta_186461194_nt495_AOS_rc|1
GCCTCTTACCCTATGAAATTGCTGATGCTTACAACAACTTCTAGCTTCTCTATTAGATC
>HPV110_Beta_186461194_nt413_AOS_rc|1
CAACGCACAACCCTTCCCCAATTCCTTTTTGCTCTACTATTTCTATTTTCACGTCCATTT
>HPV110_Beta_186461194_nt406_AOS_rc|1
CAACCACTTCCCCAATTCCTTTTTGCTCTACTATTTCTATTTTCACGTCCATTTACAGAAT
>HPV110_Beta_186461194_nt399_AOS_rc|1
TTCCCCAATTCCTTTTTGCTCTACTATTTCTATTTTCACGTCCATTTACAGAATGTTTCATA
>HPV110_Beta_186461194_nt389_AOS_rc|1
CCTTTTTGCTCTACTATTTCTATTTTCACGTCCATTTACAGAATGTTTCATAAAACCTTGTA
>HPV110_Beta_186461194_nt198_AOS_rc|1
AAATCTACACGGTATTAATATGTCTAAAACAGGAATGCATAATGTATCTGCAAGCTGTTG
>HPV111_Beta_186461202_nt5484_AOS_rc|1
AGAAGTATCTGATATGTGAATCACAACTGTGGGAGCTTCTGGATGAGGAAAAATAATATT
>HPV111_Beta_186461202_nt5258_AOS_rc|1
AATAACAAATCTTCTGAATTAATAATCTATTTTCATCTTCTAATGGAGGGGTTCCGGTCTG
>HPV111_Beta_186461202_nt2691_AOS_rc|1
TTTCGAGCAAAGTACAATAAAACTTGCTCTTGTCTCAATGCTTGCCAATGTTCAATCTGA
>HPV111_Beta_186461202_nt1951_AOS_rc|1
AATAATTGTTTGTGAATCCAAGTTGACATACTCATCTCTCGCATCTCCCCCTCGAATATAA
>HPV111_Beta_186461202_nt1589_AOS_rc|1
TTTAGGAGGATCTGCCAATACCTGCACTTCTGATACTTGTAATATTGTGCTTAATAATCG
>HPV111_Beta_186461202_nt487_AOS_rc|1
TTCCAATTATCCCTAACTCTATGAAAATATTGTTGTTTGTAGCACACTCCTAGCTTCTCT
>HPV111_Beta_186461202_nt480_AOS_rc|2
TATCCCTAACTCTATGAAAATATTGTTGTTTGTAGCACACTCCTAGCTTCTCTACCAGAT
>HPV111_Beta_186461202_nt399_AOS_rc|1
GACACCTAACAGTAATATTTCCAATAGGCTGGTTTGCTACAGTTTCTATCTGTTTTCCCTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7261_AOS_rc|1
AGACAGACTGCCAAGTCTTTGTAAGGTGAAGTACCGGCTGCGATTTATAAGCAGATTATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5141_AOS_rc|1
TTCTCCTAAAAGTTGTAATTCTATGGGCTCCTCAGTGTTAATTGTACTAAGGTCCCTGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3791_AOS_rc|1
TGTTCTGTGATCCATGACCAAGTACTACTGACATATTTGTAGCCACCCTTATGCCTTTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3784_AOS_rc|1
TGATCCATGACCAAGTACTACTGACATATTTGTAGCCACCCTTATGCCTTTTATGCACCC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1776_AOS_rc|1
GTATCATGTCAGATAAAGAAAATTGCGTGGCCTCCAAAGATTGATGGCTAATCATAGTTT

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1644_AOS_rc|1
ATGCCGCTATTACACTACGCCACTTAGGTGGTTCAGACAATGTTTGAATTCATTTACTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1626_AOS_rc|1
GCCACTTAGGTGGTTCAGACAATGTTTGAATTCATTTACTTGCAAAATAGAAGATAGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt129_AOS_rc|1
GAACCTGTACTGTTCTAGGCCTCTCCATCAGTATATGTGTCTCTAATATTCTTCAAGTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt122_AOS_rc|1
TACTGTTCTAGGCCTCTCCATCAGTATATGTGTCTCTAATATTCTTCAAGTAATTTTATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7701_AOS_rc|1
TCAATGTAACCTTGCAATTATGCTGACACAATACCTACGTTGCCAAACACGACCGAAATC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7596_AOS_rc|1
ATGACTACCACCAGACCTAAACCCCAACGCTGCCCAACGCTGGACATTCATAACACAAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7586_AOS_rc|1
CCAGACCTAAACCCCAACGCTGCCCAACGCTGGACATTCATAACACAAAACAGGAAAGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7579_AOS_rc|1
TAAACCCCAACGCTGCCCAACGCTGGACATTCATAACACAAAACAGGAAAGAAACACAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5992_AOS_rc|2
GGAACAATTACTTTACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAGGGTGGCCACAGCCAGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt3950_AOS_rc|1
GAGTGTTACAACACCCTTAACGTCACAGTAACAGTTCCACTATACAAGCAATATACAAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt3605_AOS_rc|1
ACCACTGTGCCCTCCTTGTTGTGGTTTGAATGCTTAGGGATGATTTCGTGGGTCTCTACT
>HPV91_Alpha_22023568_nt3595_AOS_rc|1
CCTCCTTGTTGTGGTTTGAATGCTTAGGGATGATTTCGTGGGTCTCTACTGTCCAATGGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt3588_AOS_rc|1
GGTTGTGGTTTGAATGCTTAGGGATGATTTCGTGGGTCTCTACTGTCCAATGGCTCTCCTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt3581_AOS_rc|1
GTTTGAATGCTTAGGGATGATTTCGTGGGTCTCTACTGTCCAATGGCTCTCCTCCAACAGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7658_AOS_rc|1
GTGGAACATGTAGCCGCCTACGCAGGAAGTATAAAAGATTACAAGTCTTGTGTAAAGTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7642_AOS_rc|1
CCTACGCAGGAAGTATAAAAGATTACAAGTCTTGTGTAAAGTGCCATGGCGCCATAACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7555_AOS_rc|1
GGTCGCTGAACTCAAATGGACGCTGGGTGGGAAAGGAAATGGCCGAATACATATCTCAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7547_AOS_rc|1
AACTCAAAATGGACGCTGGGTGGGAAAGGAAATGGCCGAATACATATCTCATAGGGCGCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6560_AOS_rc|3
GTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5480_AOS_rc|2
TTGTGTATTGAGACGATACAGCAGATGTAGCAGTAACGGTCGGGCCAGAAAAGGTGGTAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4329_AOS_rc|1
ACCGAAGCCCGTTTACGACGCCGCACAGGGTGGGTCATTGCAACAATGTATTTATTGTAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt307_AOS_rc|1
ATCGCTCGTTAAAATACACCATATAGTCCTTTTCCTGGCTGCCTAACGGCTTACAGCATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt62_AOS_rc|1
AGCACTTCTGATGTTGTAAGCTCCTTGGTGCAATATATGCATGTAAGCCGTAGATCCTCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt55_AOS_rc|1
CTGATGTTGTAAGCTCCTTGGTGCAATATATGCATGTAAGCCGTAGATCCTCTAAATCCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt7261_AOS_rc|1
CACATAACATGCTTAGGAACGTTTGGACCGTTTACGTTTGTAGAGGGGGCGGTAGAGGG
>HPV90_Alpha_22138122_nt7254_AOS_rc|1
CATGCTTAGGAACGTTTGGACCGTTTACGTTTGTAGAGGGGGCGGTAGAGGGTGCGGGA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6603_AOS_rc|1
CTTGTAGGAGTGCCACGAGAGGTAGAAGATGTTCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6596_AOS_rc|1

GAGTGCCACGAGAGGTAGAAAGATGTTCCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5543_AOS_rc|1
CCTGTAGATAGAGGCACAGTGGTATTGGATGCTGCAGATGATAGGGCAGACGATGCAGTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt3920_AOS_rc|1
GACTGCAACGCCTGTATGTATATGATCAGGAGGCCTAGAAACACAGTAAGGAATACAATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3679_AOS_rc|1
ATAGTCATGTACCCAGTACTGCTTCAATGTCTTTAGGTAAGGTTATGGTTGATAGGAAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt3671_AOS_rc|1
GTACCCAGTACTGCTTCAATGTCTTTAGGTAAGGTTATGGTTGATAGGAAGGTTGCCCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt3664_AOS_rc|1
AGTACTGCTTCAATGTCTTTAGGTAAGGTTATGGTTGATAGGAAGGTTGCCCTTTGTTCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt1277_AOS_rc|1
GTAATGTGGCCCTTAGGTTACTTGTTTTAAAGCAGAGACAGGATAGCATCTGTACCTGATT
>HPV58_Alpha_222386_nt7059_AOS_rc|2
GTTTGGTGGATGGTGCACGGGTAGTAGGGGCCGAACGTTTTAGTCTGGGCTTTGCTTTAA
>HPV58_Alpha_222386_nt5506_AOS_rc|1
ATCCACAATTATGGTATTAAAAGGAGTTAGTGGAGATATAGGAATAAATGGACTAGACAT
>HPV58_Alpha_222386_nt5486_AOS_rc|1
AAGGAGTTAGTGGAGATATAGGAATAAATGGACTAGACATAGATGTTACAGAAGATGCAA
>HPV58_Alpha_222386_nt5449_AOS_rc|1
CATAGATGTTACAGAAGATGCAATGTCTGGACCAGGTTCCAATGACACAAGAGGAGTGTC
>HPV58_Alpha_222386_nt5351_AOS_rc|1
GTGTGGTGGCAAAGGACGTATGTGAGTGCAGAGGACTCTGAAAATCATGTATAGTATCAG
>HPV58_Alpha_222386_nt5219_AOS_rc|1
ATTCAAATTGTTGCTGCTGTTGTACCTGTTCTGGACAGGCTGTATGGGACTTAAGTCTT
>HPV58_Alpha_222386_nt5210_AOS_rc|1
GTTGCTGCTGTTGTACCTGTTCTGGACAGGCTGTATGGGACTTAAGTCTTGGTAGTAAT
>HPV58_Alpha_222386_nt5203_AOS_rc|1
CTGTTGTACCTGTTCTGGACAGGCTGTATGGGACTTAAGTCTTGGTAGTAATGTACTTT
>HPV58_Alpha_222386_nt3460_AOS_rc|2
TCGTGGTCTACTGTCCACGGCGCAGTCTGTATACTTTGTGGAGTACTGGGTGTTGTCTCT
>HPV58_Alpha_222386_nt3444_AOS_rc|1
ACGGCGCAGTCTGTATACTTTGTGGAGTACTGGGTGTTGTCTCTGGAGTCTGGTAAATCG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7051_AOS_rc|1
AACAAAAGCATGCTATCGTTTCCTAGAGCGTTTCTGTTTGTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7044_AOS_rc|1
GCATGCTATCGTTTCCTAGAGCGTTTCTGTTTGTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7037_AOS_rc|2
ATCGTTTTCCTAGAGCGTTTCTGTTTGTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAACGCT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7030_AOS_rc|1
CCTAGAGCGTTTCTGTTTGTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAACGCTTTTACC
>HPV74_Alpha_27462483_nt4705_AOS_rc|1
TAGAGGAGGAAATCAGCACATGACCACCAGCCTCTACGGGGGGTTGAGACTGTATAACAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt4698_AOS_rc|1
GGAAATCAGCACATGACCACCAGCCTCTACGGGGGGTTGAGACTGTATAACAGAAGGGTC
>HPV74_Alpha_27462483_nt4683_AOS_rc|1
ACCACCAGCCTCTACGGGGGGTTGAGACTGTATAACAGAAGGGTCAGTAAACGAGGGATT
>HPV74_Alpha_27462483_nt4142_AOS_rc|1
CCATACACAGCATGTATAAAACACTTATTACTGCATACAGAAGGCGTTACACCTTGA
>HPV74_Alpha_27462483_nt2989_AOS_rc|1
CCTATAGTCAACTTGTCTTCCACCTTTACCCATTCTGCGCCGTCCAGTATATATATAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt5260_AOS_rc|2
TCTAGGTGTACATTTTCTCTAAATTAGGTAAGTCTTCCAAATCAATATTTACGAACGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt5154_AOS_rc|1
CAAGAACTTGCAGTTCAATAGAAGGTTGAGTATCAATACTGCTAATATCCCTAAAAAAAT

>HPV92_Beta_27531786_nt3875_AOS_rc|1
AAAACATTTGTCTTTGAGATTTACTGGTAAAGCTAATAATCATTCTAGAGCGTCCTATTC
>HPV92_Beta_27531786_nt3868_AOS_rc|1
TTGTCTTTGAGATTTACTGGTAAAGCTAATAATCATTCTAGAGCGTCCTATTCATCGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3041_AOS_rc|1
TAAATCTGCGTGCGTCTTGAGCAAATCTGATATAGTATTGTTTATTTAATCCATCCATAA
>HPV92_Beta_27531786_nt3033_AOS_rc|1
CGTGCGTCTTGAGCAAATCTGATATAGTATTGTTTATTTAATCCATCCATAAAATAGGCA
>HPV92_Beta_27531786_nt354_AOS_rc|1
TAAACAAAACCTTACATCTAACAGTTAAACAACACAAAAGACTACCTGAGTCCCTTTCTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt308_AOS_rc|1
GAGTCCCTTTCTATAGCATCCTTTCTTGTTACTACTATACATAAAAAATGTTTGTCTTCT
>HPV75_Beta_2911544_nt3900_AOS_rc|2
TAACCAATCCCTTTCTGTTTTCTTGTTCTGTACCTAAAGCATTTTAGTATGTTTGGAT
>HPV75_Beta_2911544_nt7200_AOS_rc|3
ACACTGGCTGTTCTGGTTACCTTGGAAGCCCTTCGTAAGCCTGCCTGAAAAAGGAATTTG
>HPV75_Beta_2911544_nt4776_AOS_rc|1
GCTTGCCACCAGAGCCATTGGTGACCACGATTTGGTCTGATAATGCAGACTCCCCCAAT
>HPV75_Beta_2911544_nt3889_AOS_rc|1
TTTCTGTTTTCTTGTTCTGTACCTAAAGCATTTTAGTATGTTTGGATCGCCTCTTAAA
>HPV75_Beta_2911544_nt471_AOS_rc|1
AGTTTTTCAAATATATCCAAACGTTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGT
>HPV75_Beta_2911544_nt464_AOS_rc|1
CAAATATATCCAAACGTTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTATACTTT
>HPV75_Beta_2911544_nt457_AOS_rc|1
ATCCAAACGTTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTATACTTTCTGCTGC
>HPV76_Beta_2911551_nt4801_AOS_rc|1
TGGCCACCTGAGCCACTGGTAACTACAATTTGGTCTGACAATGCGGATTCCCCTAGTGTT
>HPV76_Beta_2911551_nt3933_AOS_rc|1
AACATTTTACTAATCCCTTCTTATTTTTTTTATCTCTGTATCTAAAGCATTTCAACACAT
>HPV76_Beta_2911551_nt471_AOS_rc|1
AGTTTTTCAAATAAATCCAGGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCGCT
>HPV76_Beta_2911551_nt464_AOS_rc|1
CAAATAAATCCAGGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCGCTATATTTT
>HPV76_Beta_2911551_nt457_AOS_rc|1
ATCCAGGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTTCGCTATATTTTCTGCAGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6600_AOS_rc|2
TATATAGCACTGCCGGGAGTCTCACGCCCCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6593_AOS_rc|2
CACTGCCGGGAGTCTCACGCCCCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt5590_AOS_rc|1
GTGCAGAAGAAGGCAAAACAATGTCGGGGCCAGTGTGTAAATGCACATCCACCGGAGATA
>HPV77_Alpha_2911558_nt5583_AOS_rc|1
AGAAGGCAAAACAATGTCGGGGCCAGTGTGTAAATGCACATCCACCGGAGATATAAATGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt5489_AOS_rc|1
GAAGGGAGGGAGGACGATGCACCGCGACCCCCAAAAGAGGTAAGATTGCGACCACTGTTC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5482_AOS_rc|1
GGGAGGACGATGCACCGCGACCCCCAAAAGAGGTAAGATTGCGACCACTGTTCGTAAAGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt5474_AOS_rc|1
GATGCACCGCGACCCCCAAAAGAGGTAAGATTGCGACCACTGTTCGTAAAGGCCACGTCA
>HPV77_Alpha_2911558_nt346_AOS_rc|1
CATCTGATTGCTGGGTATCTATGGATTCTTTTGTCTGCCTCCACGCCGTCCACGTAG
>HPV77_Alpha_2911558_nt327_AOS_rc|1
CTATGGATTCTTTTGTCTGCCTCCACGCCGTCCACGTAGTATGAATACTCCCAGTGTT
>HPV80_Beta_2911565_nt3917_AOS_rc|1

GTTAATAAAAAAGCTGTCTCTCAGTGTTTGAAGTAAATGCAAGTAACATCCGTGAACGTCC
>HPV80_Beta_2911565_nt5460_AOS_rc|2
ATTTCTAGGAGACTCAAATCGAGGAAGTGTGTATGTAGTAGTACTACGCCTTGCAATTACC
>HPV80_Beta_2911565_nt5453_AOS_rc|1
GGAGACTCAAATCGAGGAAGTGTGTATGTAGTAGTACTACGCCTTGCAATTACCAAATACT
>HPV80_Beta_2911565_nt3927_AOS_rc|1
ATTTTCATTATGTTAATAAAAAAGCTGTCTCTCAGTGTTTGAAGTAAATGCAAGTAACATCC
>HPV80_Beta_2911565_nt1628_AOS_rc|1
GCGGTTTCAGCTATTATTTGTACTTCTGATACTTGCAAAAGATTAGTTAGCAATCTTAATA
>HPV80_Beta_2911565_nt1489_AOS_rc|1
ACAATGCTGAATTAAAAGTTGTTTGGAACTTTCTAATAGTTCGTCTTGACAGCATAACAC
>HPV80_Beta_2911565_nt1482_AOS_rc|1
TGAATTAAAAGTTGTTTGGAACTTTCTAATAGTTCGTCTTGACAGCATAACACAGTTAAT
>HPV80_Beta_2911565_nt448_AOS_rc|1
AAATTTGCAACGAATAGTAATGTCTCCAACAGCTTTTCGCTCAACTACCTCAATCTCCCA
>HPV80_Beta_2911565_nt440_AOS_rc|2
AACGAATAGTAATGTCTCCAACAGCTTTTCGCTCAACTACCTCAATCTCCCAACCACACA
>HPV80_Beta_2911565_nt311_AOS_rc|1
AGACAAAGTCTTCTCAGTCCAAATCAACTGCAAAACATTTGCGATCAAAACTTACTAACT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6990_AOS_rc|3
CTAAACTTTTGTGAGTCATATGATTGTATTGCTGTATATCTTGATTTTCACTAGATATA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5521_AOS_rc|1
GATTTTCTGCTGTATCCATGTCTATGAACGTACTTTCCACAGTACCTTGATGATGGTCG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5122_AOS_rc|1
CTACTTGTACTTGCTGAACTAACCTTCTATTTGTTAGAGAAGGCCCCCTACGCCTGCCAA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5110_AOS_rc|1
GCTGAACTAACCTTCTATTTGTTAGAGAAGGCCCCCTACGCCTGCCAATGGATAGTGCTC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5095_AOS_rc|1
TATTTGTTAGAGAAGGCCCCCTACGCCTGCCAATGGATAGTGCTCTTTGAAGTGGTGTGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5087_AOS_rc|1
AGAGAAGGCCCCCTACGCCTGCCAATGGATAGTGCTCTTTGAAGTGGTGTGCTACTGCGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3798_AOS_rc|1
ATCTACCCCGTCGCTTTTCTGTTCCCTACCGCACCCCTACAGCTCCTACTTCCTCTTT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3625_AOS_rc|1
CGACCTGCCTTCGGCTGGAGGTACTTCTGGGATTGTGATCTGGATTCTGACCTCCGACTC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3618_AOS_rc|1
CCTTCGGCTGGAGGTACTTCTGGGATTGTGATCTGGATTCTGACCTCCGACTCCTAGTCT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3610_AOS_rc|1
TGGAGGTACTTCTGGGATTGTGATCTGGATTCTGACCTCCGACTCCTAGTCTTGAGAGACC
>HPV65_Gamma_312100_nt6175_AOS_rc|2
GAGTGCCATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6168_AOS_rc|1
TATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTA
>HPV65_Gamma_312100_nt5090_AOS_rc|1
ATAAATCGGAGCCTACATCATCAACATAAATTCTCAAGCCTAAACCAGGAGGAATAGTGG
>HPV65_Gamma_312100_nt5079_AOS_rc|1
CCTACATCATCAACATAAATTCTCAAGCCTAAACCAGGAGGAATAGTGGGGATACTGAAT
>HPV65_Gamma_312100_nt5072_AOS_rc|1
CATCAACATAAATTCTCAAGCCTAAACCAGGAGGAATAGTGGGGATACTGAATGAAGATC
>HPV65_Gamma_312100_nt5038_AOS_rc|1
AATAGTGGGGATACTGAATGAAGATCCACGTCTACTGCTAGTTAAAACCAAGTGAGAGTT
>HPV65_Gamma_312100_nt5031_AOS_rc|1
GGGATACTGAATGAAGATCCACGTCTACTGCTAGTTAAAACCAAGTGAGAGTTGCTAAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt3680_AOS_rc|2
AAAGAACCATAGGTATATGTACAGAGTTTTGGGAATAGATTGTGTTTAAACAAATGAGTCT

>HPV65_Gamma_312100_nt350_AOS_rc|1
ACAACATATACATCTGATGCAAATCTCCTTAATTTTCCTTTGAGCTACTTCTTCCAAATT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7475_AOS_rc|1
CAAGTAAAGGCATTGCACTGCAGGAAGACAAAAGATTAACAATGTTGGCAAGAAACCTAGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7466_AOS_rc|1
GCATTGCACTGCAGGAAGACAAAGATTAACAATGTTGGCAAGAAACCTAGAATACCAAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7459_AOS_rc|1
ACTGCAGGAAGACAAAGATTAACAATGTTGGCAAGAAACCTAGAATACCAAAAACCCATG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5406_AOS_rc|1
ACAATATCGGGACCTGGCTGTAATGGTACAGTAGAGGAAAATGGAAAATCAAAACCACTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5381_AOS_rc|1
GTACAGTAGAGGAAAATGGAAAATCAAAACCACTACTTAAGGGGACAGTAACATTGGTGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5370_AOS_rc|1
GAAAATGGAAAATCAAAACCACTACTTAAGGGGACAGTAACATTGGTGGTCTGAGGACTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5363_AOS_rc|1
GAAAATCAAAACCACTACTTAAGGGGACAGTAACATTGGTGGTCTGAGGACTATGTAATG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5356_AOS_rc|1
AAAACCACTACTTAAGGGGACAGTAACATTGGTGGTCTGAGGACTATGTAATGAATAGGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5349_AOS_rc|1
CTACTTAAGGGGACAGTAACATTGGTGGTCTGAGGACTATGTAATGAATAGGATATTGAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5316_AOS_rc|1
GGACTATGTAATGAATAGGATATTGATGGCTGTGGAAAGGGTGTGTCAGGATCCATATAT
>HPV11_Alpha_333026_nt4950_AOS_rc|1
AACAAAAGTGTCTAGTGGAATGTCTTCTACATGTTGGGATGTTATTGTTGGGGCAGATAT
>HPV11_Alpha_333026_nt4942_AOS_rc|1
TGTCTAGTGGAATGTCTTCTACATGTTGGGATGTTATTGTTGGGGCAGATATAAGTATGT
>HPV11_Alpha_333026_nt4934_AOS_rc|1
GGAATGTCTTCTACATGTTGGGATGTTATTGTTGGGGCAGATATAAGTATGTGACCACTG
>HPV11_Alpha_333026_nt4852_AOS_rc|1
GTATTACAGACGGTCTGTAAACAGGGGATTTTGAAACACACTAGTGGTAGTGTGATTGG
>HPV11_Alpha_333026_nt4343_AOS_rc|1
CGTACACCACACACTGTATAAAAAAGGTTTACTCTAGTTCATGTACACATAATCTCCATT
>HPV11_Alpha_333026_nt4258_AOS_rc|1
TCCACAGTAGTATTGCGGTTTGATTTACACTTAGCACATTTAGTTTTTTCAGTACCATGT
>HPV11_Alpha_333026_nt3126_AOS_rc|1
TTGGCATCTACGGAAGTAGTTACTTTTACCCATGAGTCGTTGTCCTGCAGGTATATATGT
>HPV11_Alpha_333026_nt446_AOS_rc|1
ACCCTTCCACTGGTTATTTAGTTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTT
>HPV11_Alpha_333026_nt439_AOS_rc|1
CACTGGTTATTTAGTTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTTTCTATT
>HPV11_Alpha_333026_nt425_AOS_rc|1
TTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTTTTCTATTTACACAACGGCTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7740_AOS_rc|2
GGCAGTTTAAACATGTGCAAAAGCCAGCACTGCAATCAAGGATATAGATAATCTACAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7529_AOS_rc|1
AAACTACAAGCCAGAATGTTGGCAAAACTAGTATTCAGGAAACCAAAAACCGCAGAACT
>HPV31_Alpha_333048_nt7421_AOS_rc|1
ACGGTTAGGGATTTAAAATGGCTGCATAAAATCAAATGGAGTAGCTTTAGTTGCAAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7414_AOS_rc|1
GGGATTTAAAATGGCTGCATAAAATCAAATGGAGTAGCTTTAGTTGCAAAAAACGGACC
>HPV31_Alpha_333048_nt7407_AOS_rc|1
AAAATGGCTGCATAAAATCAAATGGAGTAGCTTTAGTTGCAAAAAACGGACCGGGTGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt7400_AOS_rc|1
CTGCATAAAATCAAATGGAGTAGCTTTAGTTGCAAAAAACGGACCGGGTGTAACAATTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7330_AOS_rc|1

TGACACCTAAATTATAGGCAGAAATAAGTACATGACTATTGGGAGGAGCAGGAACAAGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt7322_AOS_rc|1
AAATTATAGGCAGAAATAAGTACATGACTATTGGGAGGAGCAGGAACAAGTAGGAACAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt7309_AOS_rc|1
AAATAAGTACATGACTATTGGGAGGAGCAGGAACAAGTAGGAACAAGTAGGAACAATAGT
>HPV31_Alpha_333048_nt7299_AOS_rc|1
ATGACTATTGGGAGGAGCAGGAACAAGTAGGAACAAGTAGGAACAATAGTTTATAAAATA
>HPV33_Alpha_333049_nt5467_AOS_rc|1
AGTCAGCACCGTCTACAACAATGGTGTCAAAAAGGAAAAAAGGCGAAATAGGAACAAATG
>HPV33_Alpha_333049_nt5459_AOS_rc|1
CCGTCTACAACAATGGTGTCAAAAAGGAAAAAAGGCGAAATAGGAACAAATGGGCTAGAT
>HPV33_Alpha_333049_nt3904_AOS_rc|1
CAATACCAACACCAGCAACCAAGCATAGGTAGAAATGGAAAGTATTAAAGGACGTAATAA
>HPV33_Alpha_333049_nt3891_AOS_rc|1
AGCAACCAAGCATAGGTAGAAATGGAAAGTATTAAAGGACGTAATAATAAGGATAAGCAT
>HPV33_Alpha_333049_nt1391_AOS_rc|1
TAGAACATTACTAATTTCCCTGCAACGTAACATTTTCACAGCTATCTACATTTGTCTCACA
>HPV33_Alpha_333049_nt1384_AOS_rc|1
TTACTAATTTCCCTGCAACGTAACATTTTCACAGCTATCTACATTTGTCTCACAGCTTACT
>HPV33_Alpha_333049_nt1377_AOS_rc|1
TTTCCTGCAACGTAACATTTTCACAGCTATCTACATTTGTCTCACAGCTTACTTCTGAAT
>HPV33_Alpha_333049_nt1370_AOS_rc|1
CAACGTAACATTTTCACAGCTATCTACATTTGTCTCACAGCTTACTTCTGAATCATCCCC
>HPV33_Alpha_333049_nt170_AOS_rc|1
TCAGATCGTTGCAAAGGTTTTTTGCATTCCACGCACTGTAGTTCAATGTTGTGTATAGTT
>HPV33_Alpha_333049_nt160_AOS_rc|2
GCAAAGGTTTTTTGCATTCCACGCACTGTAGTTCAATGTTGTGTATAGTTGTCTCCAATG
>HPV35_Alpha_333050_nt7790_AOS_rc|1
TTGTTACTAACTATAATAAAAAGAAATGCTTATAAAACTGTAATCCAAATCGGTTGGACA
>HPV35_Alpha_333050_nt7782_AOS_rc|1
AACTATAATAAAAAGAAATGCTTATAAAACTGTAATCCAAATCGGTTGGACACACCTGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt7544_AOS_rc|1
CAAGTGTGGGTGGACCACAAGTATGAAAAATGACTAATACTGCAAGATGAATCAAGTTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5390_AOS_rc|1
AGTTAGTAATAGTATTAGAGTTAAATACAATGTCTGGCCCTGCTGTTATAGGAATATCAT
>HPV35_Alpha_333050_nt5379_AOS_rc|1
GTATTAGAGTTAAATACAATGTCTGGCCCTGCTGTTATAGGAATATCATAGCCACTACTT
>HPV35_Alpha_333050_nt5362_AOS_rc|1
AATGTCTGGCCCTGCTGTTATAGGAATATCATAGCCACTACTTAATGGTATAGTAGTATT
>HPV35_Alpha_333050_nt5168_AOS_rc|1
TATGTGGTAAAGAGGATGGTACATGTTGTAAGGGTTGTAATTCTATATCTTCAGTAATAC
>HPV35_Alpha_333050_nt3942_AOS_rc|1
CATCCATAGGTATATACAAAAGCAAGAAACAACAAAAGCAAGTAGTGGTGTGCTACAGT
>HPV47_Beta_333062_nt7658_AOS_rc|1
TCTTGTAGTGCCAAAACAGCTGCCCCGGTGCCAAATGTGATCGCCAAAAACGATAACAA
>HPV47_Beta_333062_nt7644_AOS_rc|1
AACAGCTGCCCCGGTGCCAAATGTGATCGCCAAAAACGATAACAAGATTAAATTTCTTT
>HPV47_Beta_333062_nt6964_AOS_rc|1
AAAATTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGA
>HPV47_Beta_333062_nt6954_AOS_rc|1
GCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAA
>HPV47_Beta_333062_nt6944_AOS_rc|1
CCTGTATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATTTGTATTTT
>HPV47_Beta_333062_nt5758_AOS_rc|1
GGTGTGAATGACAACACTACAGGTAATTCAGGTGTAGGGTAAATAATATCAATAGTGTCCCCG

>HPV47_Beta_333062_nt5540_AOS_rc|2
GTAAATCATTAGATGAAGCATCTATTGTTTCAGATAAAGGGTTTTTCAGCAATGTCCATAT
>HPV47_Beta_333062_nt4972_AOS_rc|1
TCTGCTTGGAACCTCAGTAAGTTCAATTTCTGTCTGTTATATCACCGCCTATCCTTTGTCC
>HPV47_Beta_333062_nt2934_AOS_rc|1
CTCCAAAGCAAACGCTGATTTTTGTAGCGACTCTAACTGCAACACCATATATATAGCCTC
>HPV47_Beta_333062_nt2925_AOS_rc|1
AAACGCTGATTTTTGTAGCGACTCTAACTGCAACACCATATATATAGCCTCTTTGGCCCT
>HPV8_Beta_333074_nt6929_AOS_rc|1
CTCAGATATTCTCTGAAGTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCCCATTT
>HPV8_Beta_333074_nt6913_AOS_rc|2
ACTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCCCATTTTCAGTGTAAGTGAAG
>HPV8_Beta_333074_nt5718_AOS_rc|1
CACTGTTATCATGTGTGTGGATTATTACCACCGGAAGATCAGGTGTAGGGTAAATTATTT
>HPV8_Beta_333074_nt5711_AOS_rc|1
ATCATGTGTGTGGATTATTACCACCGGAAGATCAGGTGTAGGGTAAATTATTTCTCATT
>HPV8_Beta_333074_nt5701_AOS_rc|1
TGGATTATTACCACCGGAAGATCAGGTGTAGGGTAAATTATTTCTCATTATTGCGACTT
>HPV8_Beta_333074_nt4842_AOS_rc|1
CTAAAATGTGGTCTGCTAGAGAACCTTCTCCTTGTGTAGGTGTGGAATCAGTTATGATTT
>HPV8_Beta_333074_nt514_AOS_rc|1
AATCTAATTTCTCTATGATATCCAAAAATGACAAGCAGTTTTGACACCTAACGTCTATCT
>HPV8_Beta_333074_nt350_AOS_rc|1
CAACACGCAGTAACAACGTAATTTTTTCCAAATTAGGCACAGTCTCTTTTTGTCAAACCTCA
>HPV8_Beta_333074_nt336_AOS_rc|1
AACGTAATTTTTTCCAAATTAGGCACAGTCTCTTTTTGTCAAACCTCACACAGTTCTAAGAA
>HPV8_Beta_333074_nt149_AOS_rc|1
TCCTGCCCGTCCATTTGCTTAGGAAAATTGCACAAGTCACAGCATTGTAACAATATATAT
>HPV51_Alpha_333087_nt6553_AOS_rc|1
TAATATATTGCTTAAAGTTACTTGGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGC
>HPV51_Alpha_333087_nt7439_AOS_rc|1
CGGATGTATGCACATATGTCATAAAAAAATGATGGTTTATGCCAAAAACAACCTGGCAGTTG
>HPV51_Alpha_333087_nt7397_AOS_rc|1
AAAAACAACCTGGCAGTTGTGGTTTTAAACTTGGCAAATATACTAAAAGTACACGAACCGA
>HPV51_Alpha_333087_nt7333_AOS_rc|1
GGTTGCACTCAAAATGGCTGCAGCTGTAACAAAATGGAAGCTACAAAGTATAACTAAATA
>HPV51_Alpha_333087_nt7316_AOS_rc|1
CTGCAGCTGTAACAAAATGGAAGCTACAAAGTATAACTAAATAGCACAAATATAAACTGT
>HPV51_Alpha_333087_nt5906_AOS_rc|1
TCAACAGATGTGTTATCTCTAACATCTTGTGTGCATTGCCATTTGCTATGCGTGAATTT
>HPV51_Alpha_333087_nt3729_AOS_rc|1
GTCATAATTCCCAATGACAGTGTACACTTGGGGGTACTTTAATGGTTTTTATAAATGTT
>HPV51_Alpha_333087_nt3722_AOS_rc|1
TTCCCAATGACAGTGTACACTTGGGGGTACTTTAATGGTTTTTATAAATGTTTCCCGTT
>HPV51_Alpha_333087_nt3701_AOS_rc|1
TTGGGGGTACTTTAATGGTTTTTATAAATGTTTCCCGTTGATGTGCACTGTCAAACACAA
>HPV51_Alpha_333087_nt2540_AOS_rc|2
TTTAAAACTTTAATACTGTTACCTTGTATGTAAATACATTAGGTTTGCATCCTCTTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt7478_AOS_rc|1
TGAATAGGTTTGCAAAATGTTAGGAAACATGGCCAATGCACCTGGTAACAGGCCAGATAC
>HPV42_Alpha_333211_nt7090_AOS_rc|1
ATCCTTTTTTTCTGGCGTTGTTACCTTAGCCTGACAGCGAATAGCTTCTGATTGTACATA
>HPV42_Alpha_333211_nt5963_AOS_rc|1
TGGGGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCAACAACCA
>HPV42_Alpha_333211_nt5603_AOS_rc|1

GGAAACGAAAAAGGTATGGTGGTATTGGCAGAATGTGTAGACATGCTAGGTAATGTAGGG
>HPV42_Alpha_333211_nt5035_AOS_rc|1
ACGACCGAGGGCCAGGAATGGGAGTACTAGTAAATGTGTTAGTTGTATCTGTAGATACAA
>HPV42_Alpha_333211_nt4856_AOS_rc|1
AAAGGATTGGTAGATGTAGTTGTTGTGACACGTATAGTATTAGTGGGAGGGGAGATATCT
>HPV42_Alpha_333211_nt4389_AOS_rc|1
TCGTCTGCGGGACCGTTGTGGTGGCATTGTAATAGCACAAAAGAAGTACACACAATATAA
>HPV42_Alpha_333211_nt4382_AOS_rc|1
CGGGACCGTTGTGGTGGCATTGTAATAGCACAAAAGAAGTACACACAATATAACAAAAGT
>HPV42_Alpha_333211_nt4110_AOS_rc|1
GACAGAAGGAATACCAAGAATGATTAAACATAGAAAAAATAGTCAAAGTATGTTAGTAC
>HPV39_Alpha_333245_nt7375_AOS_rc|1
TAAATGTAGAAACGCATACAACAATGTAAAAATTACATATTAGGTAGTAAACACACCTT
>HPV39_Alpha_333245_nt6450_AOS_rc|1
ATACAGAACTACCGGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAA
>HPV39_Alpha_333245_nt5491_AOS_rc|1
ATATGTTGTGTCTATTGGTCCAGAAGGCACCAATGGCAACTGTGGAGTAGTACTTGGTAA
>HPV39_Alpha_333245_nt5377_AOS_rc|1
AGTTGTATTGGCATATTTAGTAGATGCTGAAGAAGCCACAGAAGGTAGTGAGCCTGTGTT
>HPV39_Alpha_333245_nt5370_AOS_rc|1
TTGGCATATTTAGTAGATGCTGAAGAAGCCACAGAAGGTAGTGAGCCTGTGTTATATGTA
>HPV39_Alpha_333245_nt5348_AOS_rc|1
AAGAAGCCACAGAAGGTAGTGAGCCTGTGTTATATGTAGTGCCCGAATCCCTTGTATTAT
>HPV39_Alpha_333245_nt5341_AOS_rc|1
CACAGAAGGTAGTGAGCCTGTGTTATATGTAGTGCCCGAATCCCTTGTATTATTAAATGC
>HPV39_Alpha_333245_nt5245_AOS_rc|1
TATATCAAATAATGCATCTGAAGCATCAGAGGGCTCAGCGTGAAGTAGGGGCTGTAATTC
>HPV39_Alpha_333245_nt1211_AOS_rc|1
GAAATTTCCCTGTAGTGTTCCCTGGTATTCCTGCCTACTTTTTTTCCATACGGTCTAGTG
>HPV93_Beta_37089393_nt4383_AOS_rc|1
AAGTTTCTGTTAATGGAACAATTGAAGATGAGGATGGTTCTACAGGAGCTATGGTATCTA
>HPV93_Beta_37089393_nt402_AOS_rc|1
CAATTTGATCTAATTTTTTTCATACAATGGCGACACCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCT
>HPV93_Beta_37089393_nt395_AOS_rc|1
ATCTAATTTTTTTCATACAATGGCGACACCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt388_AOS_rc|1
TTTTTTCATACAATGGCGACACCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTCCTTAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt350_AOS_rc|1
GAGTGGCTTTTTTTCCTTAACCTTCTATTGCCAGCCAACAACACTATCATTCAAGTAATT
>HPV93_Beta_37089393_nt90_AOS_rc|1
GAGGTTTACTTACTGCCGCCATTAAGATGTCTGCCTTATATACCATATATCAATACTTAT
>HPV93_Beta_37089393_nt83_AOS_rc|1
ACTTACTGCCGCCATTAAGATGTCTGCCTTATATACCATATATCAATACTTATAAACAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt75_AOS_rc|1
CCGCCATTAAGATGTCTGCCTTATATACCATATATCAATACTTATAAACAGGTGCTACGA
>HPV12_Beta_396910_nt6365_AOS_rc|2
GAAAGTGTCTTTAACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCA
>HPV12_Beta_396910_nt6358_AOS_rc|3
TTCTTTAACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAG
>HPV12_Beta_396910_nt6351_AOS_rc|2
ACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAGGCTTTCT
>HPV12_Beta_396910_nt5094_AOS_rc|1
AAATGAAAAGCGTACTAACTTAGAAGGTTTATCTATAAATAAAGGATTATCAACTTGCAC
>HPV12_Beta_396910_nt5087_AOS_rc|1
AAGCGTACTAACTTAGAAGGTTTATCTATAAATAAAGGATTATCAACTTGCACCTTGTGT

>HPV12_Beta_396910_nt5032_AOS_rc|1
GTTGTACTAGCCTTCTATTTGTTAGGGACACTCCTCTACGTCGGCCAGTGGTTTGTGTCC
>HPV12_Beta_396910_nt5021_AOS_rc|1
CTTCTATTTGTTAGGGACACTCCTCTACGTCGGCCAGTGGTTTGTGTCTCTGAAGTGGA
>HPV12_Beta_396910_nt5014_AOS_rc|1
TTGTTAGGGACACTCCTCTACGTCGGCCAGTGGTTTGTGTCTCTGAAGTGGAGTGCTGC
>HPV12_Beta_396910_nt5007_AOS_rc|1
GGACACTCCTCTACGTCGGCCAGTGGTTTGTGTCTCTGAAGTGGAGTGCTGCTTTGCCG
>HPV12_Beta_396910_nt4868_AOS_rc|1
CCTATAGTTTGACCTCCTGAGCCAGATGTGACCAGGATGTGGTCTGCCAAAGATGTTTCA
>HPV14D_Beta_396918_nt5444_AOS_rc|1
TAATGACAACAGGCAACTCTGGGGTAGGATAAATAATATCCATGCTAATGTCCCTATCCT
>HPV14D_Beta_396918_nt5362_AOS_rc|1
TTTTGTATCCTGTGCATAATATGACCCAGATCTGGTTGTTTCAAAACGAGGGACGGTATA
>HPV14D_Beta_396918_nt5347_AOS_rc|1
ATAATATGACCCAGATCTGGTTGTTTCAAAACGAGGGACGGTATATGAAGATGTTGAGCG
>HPV14D_Beta_396918_nt5340_AOS_rc|2
GACCCAGATCTGGTTGTTTCAAAACGAGGGACGGTATATGAAGATGTTGAGCGTCGATTA
>HPV14D_Beta_396918_nt5326_AOS_rc|1
TGTTTCAAAACGAGGGACGGTATATGAAGATGTTGAGCGTCGATTACCCACAACATAATTG
>HPV14D_Beta_396918_nt4834_AOS_rc|1
TTGCACTAGTCTAGATGGTCTTGTTAAAAATAAGGGTTTTCTACAGAACTTGTGGAC
>HPV14D_Beta_396918_nt4598_AOS_rc|1
CAGAGGTAACCAATATATTGTCTGCTAATGAACTTTCACCTGTGGTAGGGGTGGATTCCG
>HPV14D_Beta_396918_nt4591_AOS_rc|1
AACCAATATATTGTCTGCTAATGAACTTTCACCTGTGGTAGGGGTGGATTCCGTAATTAC
>HPV14D_Beta_396918_nt4580_AOS_rc|2
TGTCTGCTAATGAACTTTCACCTGTGGTAGGGGTGGATTCCGTAATTACTTGAAAGGAG
>HPV14D_Beta_396918_nt2184_AOS_rc|1
CAATCTAAAGAAACATAATGACCATCAAGGCCATTCTCAAATAAGTGTCCATATACAAC
>HPV15_Beta_396924_nt5489_AOS_rc|1
TAGGCTACATTATACCCATGCACATCTTGATGTAAAACCCAGTATTTCTAGGTGATTCA
>HPV15_Beta_396924_nt6555_AOS_rc|1
CTGTGGGAAAGTAAGTAGAATTTGCTAAGTTATTTTGTGTTGGGTTGATTGTGCTGGTA
>HPV15_Beta_396924_nt4900_AOS_rc|2
AGGGTCGTCCCAAGAATAAAGGGTCTGTTACAGCTACTTGTTTCAGTCAGCCGTCTGTTAT
>HPV15_Beta_396924_nt3923_AOS_rc|1
CAACGCCTGGTGGCAGTTTCATTATTTTGATAAAGAGCTCTCTTTTCGGTGTGGAAGAGA
>HPV15_Beta_396924_nt3911_AOS_rc|1
GCAGTTTCATTATTTTGATAAAGAGCTCTCTTTCGGTGTGGAAGAGAATGCCAGTAACA
>HPV15_Beta_396924_nt3904_AOS_rc|1
CATTATTTTGATAAAGAGCTCTCTTTCGGTGTGGAAGAGAATGCCAGTAACAATCGTGA
>HPV15_Beta_396924_nt3897_AOS_rc|1
TTGATAAAGAGCTCTCTTTCGGTGTGGAAGAGAATGCCAGTAACAATCGTGAGCGTCCA
>HPV15_Beta_396924_nt3890_AOS_rc|1
AGAGCTCTCTTTCGGTGTGGAAGAGAATGCCAGTAACAATCGTGAGCGTCCAATTCTAT
>HPV15_Beta_396924_nt441_AOS_rc|1
CAGCGAATAATAATATCTCCAACAGGCTTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAACTACAC
>HPV15_Beta_396924_nt434_AOS_rc|1
TAATAATATCTCCAACAGGCTTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAACTACACACCGACT
>HPV17_Beta_396932_nt5118_AOS_rc|1
GAGTACGAATGCTGGCTCTTCTACCTAGTCTACTGACTCGTAAATAACCCTGAGGTGTTT
>HPV17_Beta_396932_nt5510_AOS_rc|1
ATATGCTACTGTGTATCCCTGAGTGTATGTATGTAAAAGCCAGTGTCCCTAGGTGTTTC
>HPV17_Beta_396932_nt4842_AOS_rc|1

TTAAGCTTGATAGTGATTCTACTGCACGTTGAACTGGAGTACTTGTTCTAGGAGGTGTGC
>HPV17_Beta_396932_nt4719_AOS_rc|1
TATCAATGGCTGCATTCCCTGGAACCTCCTATGTTTTGTCCACCAAAACCTTCGAACACTA
>HPV17_Beta_396932_nt3933_AOS_rc|1
CTGGTGGTAGCTTCATTTTTTTGGATAAACAATTCTCTTTTCATCATATGTGTTAAATGCTA
>HPV17_Beta_396932_nt3926_AOS_rc|1
TAGCTTCATTTTTTTGGATAAACAATTCTCTTTTCATCATATGTGTTAAATGCTAGTAACAT
>HPV17_Beta_396932_nt1825_AOS_rc|1
TTCGTTATCATAAGCAAATTGTATCATGGTAGATAGATCGAATTGTGTTGCCTGTGCTGT
>HPV17_Beta_396932_nt1809_AOS_rc|1
AATTGTATCATGGTAGATAGATCGAATTGTGTTGCCTGTGCTGTTTGATGATTAATCATA
>HPV17_Beta_396932_nt830_AOS_rc|1
TCTCTGCAGTTAGGACACACCAACTGTACTTCACCTAATAAAAGCTCCTCTTGTGAACGA
>HPV17_Beta_396932_nt805_AOS_rc|1
GTACTTCACCTAATAAAAGCTCCTCTTGTGAACGAATTCCAGCGTGCGTTGCAAGAACAA
>HPV19_Beta_396940_nt5585_AOS_rc|1
GTTTCAAATTGGGGAACGTGTATATGTGGAAGTAGAACGGCGCCCACTACTAACTGT
>HPV19_Beta_396940_nt5272_AOS_rc|1
GAATGGTTTCGCCTTTGGCCTAGGCGACTAACTCTGATGTAACCAGATGGTGTTTCTGAAT
>HPV19_Beta_396940_nt4150_AOS_rc|1
AAATGAGCCAAACGATCGGTCCACACCTTTAGGATACCTTACTGTATCATCAAAGTGCTT
>HPV19_Beta_396940_nt488_AOS_rc|1
AGACAGATTTACCTGTTACAAACTCAATTTCTCTACCTGTTACAGTATGCTCATAGAACT
>HPV19_Beta_396940_nt219_AOS_rc|1
GGTGGCTCTGTGACCTGTGGTGCAGTAGTTCCCTCTTCTACAATTTCTATCTCTTCTTCT
>HPV19_Beta_396940_nt212_AOS_rc|1
CTGTGACCTGTGGTGCAGTAGTTCCCTCTTCTACAATTTCTATCTCTTCTTCTGTAGCCT
>HPV19_Beta_396940_nt205_AOS_rc|1
CTGTGGTGCAGTAGTTCCCTCTTCTACAATTTCTATCTCTTCTTCTGTAGCCTGTGCGTT
>HPV19_Beta_396940_nt198_AOS_rc|1
GCAGTAGTTCCCTCTTCTACAATTTCTATCTCTTCTTCTGTAGCCTGTGCGTTAGCCATA
>HPV19_Beta_396940_nt191_AOS_rc|1
TTCCCTCTTCTACAATTTCTATCTCTTCTTCTGTAGCCTGTGCGTTAGCCATAAGTTTGC
>HPV19_Beta_396940_nt183_AOS_rc|1
TCTACAATTTCTATCTCTTCTTCTGTAGCCTGTGCGTTAGCCATAAGTTTGCAGCTGCAA
>HPV25_Beta_396948_nt3784_AOS_rc|1
GGTGGGGGATTGAGACAATCTGTGTCGTCTCCCGCCCCTGCCGCGGCCCCCCTGCT
>HPV25_Beta_396948_nt5666_AOS_rc|1
ATAGGACACATAGTATCCCTGAATATCTTGGGTATAATATGATGCAGAGCGTGTAGTTTC
>HPV25_Beta_396948_nt5037_AOS_rc|1
ATCCTCCTCTACGTCTTAATGCAGTCCTAATCCTTTGAAGAGGTGTACTACTTTGTCTTG
>HPV25_Beta_396948_nt4737_AOS_rc|1
CTAAAACTGCGCTGGCACCTCTAGAAGTTGTTGTCACCGGGGTGTCAGTGGAGGGTACAA
>HPV25_Beta_396948_nt3802_AOS_rc|1
TCTTCGTGATCGCTTGGAGGTGGGGGATTGAGACAATCTGTGTCGTCTCCCGCCCCCT
>HPV25_Beta_396948_nt3777_AOS_rc|1
GATTGAGACAATCTGTGTCGTCTCTCCCGCCCCCTGCCGCGGCCCCCCTGCTGCTCCCT
>HPV25_Beta_396948_nt475_AOS_rc|1
AAAAATTGATTACCTGTAACGTCTTCAATTTCCCTACCTGTTACAGTGCTTTTCGTAAAA
>HPV25_Beta_396948_nt203_AOS_rc|1
GTGGCTGTATAACCTGCGCTTGCTCTGGTGGTCCCTATGCTCTGTTTCAGCATTTGCAGTTG
>HPV25_Beta_396948_nt196_AOS_rc|1
TATAACCTGCGCTTGCTCTGGTGGTCCCTATGCTCTGTTTCAGCATTTGCAGTTGCCATAAG
>HPV25_Beta_396948_nt189_AOS_rc|1
TGCGCTTGCTCTGGTGGTCCCTATGCTCTGTTTCAGCATTTGCAGTTGCCATAAGTCCTAAT

>HPV27_Alpha_396964_nt5475_AOS_rc|1
CAGAGGAGGCAGATACCGTGGTATTAGCCAGGGAGCCGCGAGGGGCTGGGTAGTAATCGT
>HPV27_Alpha_396964_nt5893_AOS_rc|1
TAGGCACTGCCAACCTATTATTGCTACCCTTCTTTATAGAATAATATGGGTGGCCGACAG
>HPV27_Alpha_396964_nt5468_AOS_rc|1
GGCAGATACCGTGGTATTAGCCAGGGAGCCGCGAGGGGCTGGGTAGTAATCGTCCAATGG
>HPV27_Alpha_396964_nt4216_AOS_rc|1
CAACAACAATAATAAGCCAATGAGGGTGAGAATCACCAACAGACAGTCAATATCATCACG
>HPV30_Alpha_396973_nt7587_AOS_rc|1
TATATGACTAATAAGGCGAGGCGTCTTACGTTGCAAAAAAACATAAAGTGCAGGAAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt7376_AOS_rc|1
ATAAATATAAAAAGTAACTGCACAGTGGTGTGCAACAACCAAAAAGGGTGGAGGACATAG
>HPV30_Alpha_396973_nt7144_AOS_rc|1
CATTCATGCACAATAAATAGTAAGGAAACATACACAGACACAAACAATCACCGCCGCTTG
>HPV30_Alpha_396973_nt7137_AOS_rc|1
GCACAATAAATAGTAAGGAAACATACACAGACACAAACAATCACCGCCGCTTGCGTTTGG
>HPV30_Alpha_396973_nt6823_AOS_rc|1
GTGGCAGCTGGGGGTGACAATCCAATATTCCAGCCCTCAAGTAAAGTGGAGTTCATAGTA
>HPV30_Alpha_396973_nt4719_AOS_rc|1
ACTGGGGGTTCAACAAAGGAGGGATTGGTAAAAATGGGTACTACTAACATGGACAGAGCCA
>HPV30_Alpha_396973_nt4712_AOS_rc|1
GTTCAACAAAGGAGGGATTGGTAAAAATGGGTACTACTAACATGGACAGAGCCAGTGGTAG
>HPV30_Alpha_396973_nt3139_AOS_rc|1
TATATACCTTTGTAACTACTACAGAAAGGCACTTTAGTCCACCCATTGTCCCCACAGTAA
>HPV30_Alpha_396973_nt1356_AOS_rc|1
ATTTGCTGTGGTGGCGTGGCGCCTATATCCATATCACTGTCTGCTTCTATGCTGTTTTCC
>HPV30_Alpha_396973_nt260_AOS_rc|1
ATAAAATAATAAACAGAAATTGCACACTGCATATGGGCTGTCTCTCCCTATATACCAGTCT
>HPV3_Alpha_397005_nt5431_AOS_rc|1
AGCACGGCCTCTAGACAGAGTGTCACTACGACCTCCAGATGTAAAACCTATGTCAGCATC
>HPV3_Alpha_397005_nt4264_AOS_rc|1
AAAACATAGCAGTATAAAAGACGGTGGTACAATACCACACTAGGGCATATACATCAAGGA
>HPV3_Alpha_397005_nt4247_AOS_rc|1
AAGACGGTGGTACAATACCACACTAGGGCATATACATCAAGGAAGAATACATACAGGTGA
>HPV3_Alpha_397005_nt4240_AOS_rc|2
TGGTACAATACCACACTAGGGCATATACATCAAGGAAGAATACATACAGGTGACCTGCAA
>HPV3_Alpha_397005_nt4228_AOS_rc|1
ACACTAGGGCATATACATCAAGGAAGAATACATACAGGTGACCTGCAACTACAACCTTAC
>HPV3_Alpha_397005_nt4218_AOS_rc|1
ATATACATCAAGGAAGAATACATACAGGTGACCTGCAACTACAACCTTACAGGAGTCCCA
>HPV3_Alpha_397005_nt4134_AOS_rc|1
TAAGTATGACAGCTAACATAAACAGCAATAATATGTACACGTCTCCAGGCTCAACAAACA
>HPV3_Alpha_397005_nt4127_AOS_rc|1
GACAGCTAACATAAACAGCAATAATATGTACACGTCTCCAGGCTCAACAAACAAGACAAG
>HPV3_Alpha_397005_nt4119_AOS_rc|1
ACATAAACAGCAATAATATGTACACGTCTCCAGGCTCAACAAACAAGACAAGATGGTCGC
>HPV3_Alpha_397005_nt2174_AOS_rc|1
TTCCTTGTAGGAATGATTTTCAGAGCGCATAGAAATGGTATAAATTCTACGTCCTGGTACC
>HPV40_Alpha_397014_nt7524_AOS_rc|1
AGCGGTTCGCGCAGTACAAAATGGAGGATTTAGACACAAAAAGTACATGGTCAACACTGAA
>HPV40_Alpha_397014_nt7517_AOS_rc|1
GCGCAGTACAAAATGGAGGATTTAGACACAAAAAGTACATGGTCAACACTGAACAAGACG
>HPV40_Alpha_397014_nt7510_AOS_rc|1
ACAAAATGGAGGATTTAGACACAAAAAGTACATGGTCAACACTGAACAAGACGCCATGAC
>HPV40_Alpha_397014_nt7502_AOS_rc|1

GAGGATTTAGACACAAAAAGTACATGGTCAACACTGAACAAGACGCCATGACACTGCCAT
>HPV40_Alpha_397014_nt5895_AOS_rc|1
TGAAATGTCACCATTGGGTTTTTTTAACTCAAAGTATGGATGTCTATAGTCAGTAACCT
>HPV40_Alpha_397014_nt4030_AOS_rc|1
ACAAAGCACAAAATGGAGATAGCAGACAGTATAGAGCTCCACACATACAGATTAGGGACA
>HPV40_Alpha_397014_nt4022_AOS_rc|1
CAAAATGGAGATAGCAGACAGTATAGAGCTCCACACATACAGATTAGGGACACACACACA
>HPV40_Alpha_397014_nt3791_AOS_rc|1
ACATACCCAAGCTATGTTTTATTGTTTTTGGTATTTTTTACAATAGCTAAGAAGTCAGACC
>HPV40_Alpha_397014_nt285_AOS_rc|1
CGTATCTAAAGTTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGTGCAGGTCCAGGCACCGTGGACATG
>HPV45_Alpha_397022_nt7514_AOS_rc|1
CGCGCCAGTAGGTTAACTATGTAGGGGTTGTAAATGTGCCAGTTTAGGTATTATGTTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt7098_AOS_rc|1
GCTAACATATTATTTCTTACTACGTATACGTACACGTTTGGCAGGCCTAGATGCAGTAGA
>HPV45_Alpha_397022_nt5352_AOS_rc|1
TTAATGGTACTGTAACATTACTGTAAGAGGATGCAGCAGTAGAAGGCATGGTCAAGGAAT
>HPV45_Alpha_397022_nt5342_AOS_rc|1
TGTAACATTACTGTAAGAGGATGCAGCAGTAGAAGGCATGGTCAAGGAATACTTTGGATA
>HPV45_Alpha_397022_nt5335_AOS_rc|1
TTACTGTAAGAGGATGCAGCAGTAGAAGGCATGGTCAAGGAATACTTTGGATATGTAAAT
>HPV45_Alpha_397022_nt5328_AOS_rc|1
AAGAGGATGCAGCAGTAGAAGGCATGGTCAAGGAATACTTTGGATATGTAAATGATTTGT
>HPV45_Alpha_397022_nt1443_AOS_rc|1
TTTTTGTTACTTGCTTGTAATAGCTCCTTTAGTTCTGTAATACTGCAATGCGGATCTACA
>HPV45_Alpha_397022_nt1436_AOS_rc|1
TACTTGCTTGTAATAGCTCCTTTAGTTCTGTAATACTGCAATGCGGATCTACATTTTCTG
>HPV45_Alpha_397022_nt1429_AOS_rc|1
TTGTAATAGCTCCTTTAGTTCTGTAATACTGCAATGCGGATCTACATTTTCTGCATTGTC
>HPV52_Alpha_397038_nt7837_AOS_rc|1
CGTGTAGTGCACACCTGGTGAGTAACAGTATTTAATCATGTTTTACAAGACATATTTGGC
>HPV52_Alpha_397038_nt7597_AOS_rc|1
TGCAGGAAACCAAAGGATTAAGCAGTTTGCTGAAACTTATATAAAAAATAGTTGTTACTGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7582_AOS_rc|1
GATTAAGCAGTTTGCTGAAACTTATATAAAAAATAGTTGTTACTGTGCCAAGGACAACCAA
>HPV52_Alpha_397038_nt5495_AOS_rc|1
TAGATGTAGATGGAGCTGTAGGGGCTATAGGAACAAAAGGAGTATGTGTGGGTAACGAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt5482_AOS_rc|1
AGCTGTAGGGGCTATAGGAACAAAAGGAGTATGTGTGGGTAACGAAGGTAATGGAATGTC
>HPV52_Alpha_397038_nt5472_AOS_rc|1
GCTATAGGAACAAAAGGAGTATGTGTGGGTAACGAAGGTAATGGAATGTCAGGACCTGAC
>HPV52_Alpha_397038_nt5465_AOS_rc|1
GAACAAAAGGAGTATGTGTGGGTAACGAAGGTAATGGAATGTCAGGACCTGACTCAATGG
>HPV52_Alpha_397038_nt5348_AOS_rc|1
TATTATGGGTAGAAAGTGTGGAAGGTAAGTGAAACGTGGGTTGCTGCAAAGAATCTGCAT
>HPV52_Alpha_397038_nt4982_AOS_rc|1
CAACGCCCTCAAAAACAGGATTGTTATATGTTACTAATTTCTGTGGTGATGACATAAAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt329_AOS_rc|1
TAATGGTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTTCCCATACAGTGAATATTGATAATGCCT
>HPV56_Alpha_397053_nt7708_AOS_rc|1
AAAACAGATACTGACAGATACTGGCCTACATAGTGTATTCTGCAAGCCAAAACACCAA
>HPV56_Alpha_397053_nt7585_AOS_rc|1
TTGGCAGTCATAGTACCTGTGAGTAATACAGGGTGCGGTACTGTACATAATTCAAGTATA
>HPV56_Alpha_397053_nt7578_AOS_rc|1
TCATAGTACCTGTGAGTAATACAGGGTGCGGTACTGTACATAATTCAAGTATAAAACACA

>HPV56_Alpha_397053_nt1052_AOS_rc|1
TTGTACTTGCAACAATTGTTGACTGTTTCTGCGTCTGCCTGTATATTTTGTATATATGAA
>HPV56_Alpha_397053_nt1045_AOS_rc|1
TGCAACAATTGTTGACTGTTTCTGCGTCTGCCTGTATATTTTGTATATATGAATCGTCTA
>HPV56_Alpha_397053_nt253_AOS_rc|1
AATAAACATACTCTGCACACTGCATAAGGAAAATCATCCCTATACACTAATTTTAATTCA
>HPV56_Alpha_397053_nt66_AOS_rc|1
GTGGATTGTTGAATTGTGGCTCCATGGATATGTCCACACAGAATAAGCTGCCTTTTATAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7255_AOS_rc|1
GCACACACACACATACCATACATACAGTTACTTCCTGCGCTTTTCGTTTAGCAGAGGTAGG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5645_AOS_rc|1
GAACCTACAATATATATAGAATATGGGGTAGTTGCAGGGAAGGAAGGCGTTAGCACAGAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5558_AOS_rc|1
ACATCAGGGCCAGTGGACGCTGGAACGGACAACCCAGTGGATAATGGTACAGTGACATTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5551_AOS_rc|1
GGCCAGTGGACGCTGGAACGGACAACCCAGTGGATAATGGTACAGTGACATTAGTATGAG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5544_AOS_rc|1
GGACGCTGGAACGGACAACCCAGTGGATAATGGTACAGTGACATTAGTATGAGAGGATGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5520_AOS_rc|2
GGATAATGGTACAGTGACATTAGTATGAGAGGATGCCACAGACGTGGCAGATATGGTGGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4186_AOS_rc|1
CAGTATTAATGCCACTATGAGGCACAATAAAAACAGTAGACCCTGTTCATCAGACCCCCAA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3433_AOS_rc|1
CACACGTGTCGTCCTTTTGTGCTGTGTCAGGGTAACTGTTGGTCCCGTACTCGTTATTGTCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1259_AOS_rc|1
TACTGGTTTTTTAACAGCTCTACAATACTTGCTGTGCGTTCCTGCGATTGTTGCACATCTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1246_AOS_rc|1
CAGCTCTACAATACTTGCTGTGCGTTCCTGCGATTGTTGCACATCTACACTGCGTTCGGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt7556_AOS_rc|1
AAATGGAAGACGTTTCAGACGCCATTTTACATACCCACAACAGTAACCATTACTAAAACCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6554_AOS_rc|1
ATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6547_AOS_rc|2
ATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6537_AOS_rc|1
TGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTTTACCAGCTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4313_AOS_rc|1
CAAGTGATTATATAAAGGATTGTTTATTTGCTGGAGGACTGATGCAACTTAAGTGTTCTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt4287_AOS_rc|1
TTTGCTGGAGGACTGATGCAACTTAAGTGTTCTGTAATGAAACGCTAACACCAATATTAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4089_AOS_rc|1
AACAACGCCAATATAAAAACGTTAATAGGTGATGTAAGGACGCCCCAAGACAAAAAATAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4071_AOS_rc|1
ACGTTAATAGGTGATGTAAGGACGCCCCAAGACAAAAAATAAAGATAGAAGCACATGCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt3877_AOS_rc|1
TGTGGTTGGGGTACAATACCCCCCTTTTATCACAGTTACAGTTCCTCTATACAAATATA
>HPV81_Alpha_40804509_nt7474_AOS_rc|1
CACACATTCCACAAATATACAAACAACAGTGTAGGGGCAAAAGGGCAGCACGCATACAAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt7328_AOS_rc|1
ACAAACAAGCATACTACTATTTTTTACGTTTTCGCTTAGCAGAGGTAGTGGGGGTCCTGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt6381_AOS_rc|1
ATGGTTGTATTTTTAAACTCCAAGGGGGGCATTTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5765_AOS_rc|1
TTAGGGAAGAATATATAAGAAGGAAACAAGTAAAAATCAGTGCCAACAACATATATGGCG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5752_AOS_rc|1

TATAAGAAGGAAACAAGTAAAAATCAGTGCCAACAACATATATGGCGTACGGGGTAGTTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5744_AOS_rc|1
GGAAACAAGTAAAAATCAGTGCCAACAACATATATGGCGTACGGGGTAGTTGCAGGAAAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5737_AOS_rc|1
AGTAAAAATCAGTGCCAACAACATATATGGCGTACGGGGTAGTTGCAGGAAACGAAGGGA
>HPV81_Alpha_40804509_nt924_AOS_rc|1
ATCTGCACTATCTTCTCTTCATCACTTGATTCTCTGATACCCTGTGGTTTTTTCTACAAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt917_AOS_rc|1
CTATCTTCTCTTCATCACTTGATTCTCTGATACCCTGTGGTTTTTTCTACAACAGCCTCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt7122_AOS_rc|1
AATATTTTTTCCAAAAAATAAGGAGCGTCTCTTTTCTTCGCCAGCGTCTTACTTAATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt7027_AOS_rc|1
TATTGACCACATGAGTCACAAAGCATGGACACAATAGTAATTGGAGGTATAGTTTATTGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6822_AOS_rc|2
TTTTGTGCCTGTTGCAGTTTGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6815_AOS_rc|1
CCTGTTGCAGTTTGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6803_AOS_rc|2
TGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATAGAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6205_AOS_rc|1
AAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt422_AOS_rc|1
TAAATAGCACACCTCACCCTGTATAACAGGTCAAGTTTTTCTACTATGTCTAATAGTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt415_AOS_rc|1
CACACCTCACCCTGTATAACAGGTCAAGTTTTTCTACTATGTCTAATAGTTTAAGACAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt408_AOS_rc|1
CACCCTGTATAACAGGTCAAGTTTTTCTACTATGTCTAATAGTTTAAGACAGCATAAAC
>HPV94_Alpha_40804528_nt5600_AOS_rc|2
AGGTGTTAAAGGCACATAAGGCCACTGCGCCGAGGTGGGTAATATAATGTCAGGCCCGGT
>HPV94_Alpha_40804528_nt7013_AOS_rc|1
GGTGCCTCCTTCTGACAAGTTATTGCGGAGGACACAAGAACCTATAAGTGTCTCCAAG
>HPV94_Alpha_40804528_nt6577_AOS_rc|2
CACTACCAACGTTTTTGGTCACCACCGCCGACTTCAATATTAGAGTGTGTCAGGAATGGTGT
>HPV94_Alpha_40804528_nt6570_AOS_rc|2
AACGTTTTTGGTCACCACCGCCGACTTCAATATTAGAGTGTGTCAGGAATGGTGTCTCCAC
>HPV94_Alpha_40804528_nt6555_AOS_rc|1
ACCGCCGACTTCAATATTAGAGTGTGTCAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCTATT
>HPV94_Alpha_40804528_nt5484_AOS_rc|1
TTGAAAGTGTAAGGACAAAGGGGAAGCAGTACTATAGCTCCGTGCCGGTGTGACACTTC
>HPV94_Alpha_40804528_nt5469_AOS_rc|1
ACAAAGGGGAAGCAGTACTATAGCTCCGTGCCGGTGTGACACTTCGAGTGCCATTTGTAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt5461_AOS_rc|1
GAAGCAGTACTATAGCTCCGTGCCGGTGTGACACTTCGAGTGCCATTTGTAAAGGCAACA
>HPV94_Alpha_40804528_nt5454_AOS_rc|1
TACTATAGCTCCGTGCCGGTGTGACACTTCGAGTGCCATTTGTAAAGGCAACATCACCAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt4247_AOS_rc|1
ACACAGCAAAACATTAGATTATGCACAGGCGTCTACATCCATATCACAATACACCCAGGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7507_AOS_rc|1
GTGCGCCACTGGCTCACTGGCGCCTTAAACAGAGGCCAAAAAGGATTTAACTTTAAATAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7500_AOS_rc|1
ACTGGCTCACTGGCGCCTTAAACAGAGGCCAAAAAGGATTTAACTTTAAATAATGTAACAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3992_AOS_rc|1
AAAAACACAAGTAGCCAAGCATGCGCACACACATTAGTAGCAGGAAAAAGCGGAATAGTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3551_AOS_rc|1
GGACAGTCCGTGCACTTCACTTGTCTGTGAATCCACAATGTCTGAATGGGTTTCTAGT

>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3538_AOS_rc|1
ACTTCACTTGTTCCTGTGAATCCACAATGTCTGAATGGGTTTCTAGTCGGCGCCGAACCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3312_AOS_rc|1
CATTATACCACACTTCCCATTTACCGCTCTGTCCATATTGTTGTGCATCACATTTAAACT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1395_AOS_rc|1
TCTATATCCATTTTCATTATCTGTACTACATGCCTCACTATTTAAACCGTCGCCATTTTTTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1383_AOS_rc|1
TCATTATCTGTACTACATGCCTCACTATTTAAACCGTCGCCATTTTTTCCCATCCCCAAAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1368_AOS_rc|1
CATGCCTCACTATTTAAACCGTCGCCATTTTTTCCCATCCCCAAACACATTTGTATCTAGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1360_AOS_rc|2
ACTATTTAAACCGTCGCCATTTTTTCCCATCCCCAAACACATTTGTATCTAGGGTTACCTG
>HPV96_Beta_50253426_nt4204_AOS_rc|1
GGGTTAGTTATTAGTATAAAAAAATGAAATGTTAGTAGTTAAAGACTATCAAAGCTACCA
>HPV96_Beta_50253426_nt4195_AOS_rc|1
ATTAGTATAAAAAAATGAAATGTTAGTAGTTAAAGACTATCAAAGCTACCAAAGGACCAC
>HPV96_Beta_50253426_nt3060_AOS_rc|2
TTTCTAAACTGGTGTTAATCAATGTCCAAGGTTTCATCTTTGTAAGGTGAGTCTCTTAATT
>HPV96_Beta_50253426_nt3048_AOS_rc|1
TGTTAATCAATGTCCAAGGTTTCATCTTTGTAAGGTGAGTCTCTTAATTTCTCTAGTTGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt1650_AOS_rc|1
TGTTCTTGTAACAGTTGCTTACATCCTTCTAATAATTCTCTTTAACTCCATATGCAGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt696_AOS_rc|1
CTACAATATCTGCAAATGCCTTTTCCAACCTCCTCTTACTAAATAAAAAGTTTTCTTGATAC
>HPV96_Beta_50253426_nt484_AOS_rc|1
TGTTCTAGCACAAATTGAAACAACACGCATATGCATAACCTTCTTCCAAATAAGATTTAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6565_AOS_rc|1
GGAGCATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6558_AOS_rc|1
AGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt5608_AOS_rc|1
ACCGTCTATAAACACAGACTGAATAGGAATATTAGATGGCACAGGAACAGAAGGGTCTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5599_AOS_rc|1
AAACACAGACTGAATAGGAATATTAGATGGCACAGGAACAGAAGGGTCTGCAGGCATATG
>HPV83_Alpha_5059324_nt4164_AOS_rc|1
ATAATAATAATTACGATGAGAATTAATAATAAGCAGTAATCCCCTTCGTCCTCCGGCCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4152_AOS_rc|1
ACGATGAGAATTAATAATAAGCAGTAATCCCCTTCGTCCTCCGGCCAATAACAATTTAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4139_AOS_rc|1
AAATAATAAGCAGTAATCCCCTTCGTCCTCCGGCCAATAACAATTTAAATCATATGCCTGCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt4106_AOS_rc|1
CAATAACAATTAAATCATATGCCTGCCCCCACCTCTAGCCTCCAATGGATACATAGTGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3859_AOS_rc|1
CACAGAATATGACACCACAAACAAATCAAGCACAAATATGTAATCCAGGGTTGTACTGGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt3822_AOS_rc|1
ATGTAATCCAGGGTTGTACTGGTATATGGTGTGGTGTATAGTGGCTCAGGTATTTGCAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6416_AOS_rc|1
ATAAATAACTGCCTGGGTTGGCACGTATGTCAGTACCTTTAATATATAGTGATTCAGGAA
>HPV59_Alpha_557236_nt5491_AOS_rc|1
GCCATAAAAAATAATTTGTGCCTTCTATATTAATAGACTGTATGGTGGTAAAGGGTGTAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5476_AOS_rc|1
TTGTGCCTTCTATATTAATAGACTGTATGGTGGTAAAGGGTGTAGTAGAATAAGTGGGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt5456_AOS_rc|1
GACTGTATGGTGGTAAAGGGTGTAGTAGAATAAGTGGGTTCAACAATATTAGTATTAGGT
>HPV59_Alpha_557236_nt5328_AOS_rc|1

AAAGGTGCTAGATGCCGACCGTGTTAATGACAACTTTGAAAAGAAGATTTAGGAATTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt5321_AOS_rc|1
CTAGATGCCGACCGTGTTAATGACAACTTTGAAAAGAAGATTTAGGAATTGTAAATGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt5313_AOS_rc|1
CGACCGTGTTAATGACAACTTTGAAAAGAAGATTTAGGAATTGTAAATGCAGTGTGGC
>HPV59_Alpha_557236_nt5300_AOS_rc|2
GACAACTTTGAAAAGAAGATTTAGGAATTGTAAATGCAGTGTGGCAGTACTAGTAGGT
>HPV59_Alpha_557236_nt5293_AOS_rc|1
TTTGAAAAGAAGATTTAGGAATTGTAAATGCAGTGTGGCAGTACTAGTAGGTGCTTCAT
>HPV59_Alpha_557236_nt1414_AOS_rc|1
CATAGCTGCTTTCCTTATTTTTGCTATGTAATAACTGTAACAATTGATTAGTGGGGGATGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7533_AOS_rc|1
GTGCATGTATATTACTTATGTGTGTAAGGCGCGTGCAAACCAAACGCGTGCAACAGCCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt7504_AOS_rc|1
CGCGTGCAAACCAAACGCGTGCAACAGCCACTGAGTCACAGGGTGTAACAAGATATACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt7491_AOS_rc|1
AAACGCGTGCAACAGCCACTGAGTCACAGGGTGTAACAAGATATACAATAATGTAGTTAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6604_AOS_rc|2
CTTGGGGTGTTAACATATATACTACCTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACTACCCTTAATT
>HPV6_Alpha_6002612_nt5334_AOS_rc|1
GAAATATCATAAAAATAATGAATGCGGGCCCCCTATGTGCTTTCCGCTGCGAGTGTGCATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4639_AOS_rc|1
CACAGGAGGACGAGCCATAGGCCCACTAGTAATAGAAGGTTTTGCAGAAGTTCCTAAGGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt4211_AOS_rc|1
GTACAGCTCTATAGTGCATTAATAATAACCCCAACACCCCTACAATAAAGGCACATAACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3489_AOS_rc|1
TTTGGTGCTGGTCGTGATTGTTAGTGATGACGTTGTGGTTTTCCACTGTCCACGGGTCCAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3128_AOS_rc|1
CTTAGCATCTACCATACTATGCACCTTTACCCAGGAGTCAGTGTCTGCACATACACATC
>HPV57_Alpha_60882_nt6960_AOS_rc|2
GACATGTTATCGCTTGGGATTGCAAATACCTGTAGGTGTCCTGCAGGCTGGCGGACGGGG
>HPV57_Alpha_60882_nt7430_AOS_rc|1
TATCTACCAGGGGGCTACATACAGGCCACAGTGTGCAAACCATGCAGCGGGGACAATTAC
>HPV57_Alpha_60882_nt7220_AOS_rc|2
CATATACAAAAGTAGAGCAAAGGAAATGAGGCAGACACAGAATCACTATCGCCTGACCTT
>HPV57_Alpha_60882_nt4317_AOS_rc|1
GACATGGCAATAAGTTTATTGACACGTAGCAATACAAAGGCAATCAGGTGCACACCGATA
>HPV57_Alpha_60882_nt4310_AOS_rc|1
CAATAAGTTTATTGACACGTAGCAATACAAAGGCAATCAGGTGCACACCGATAAAAATGT
>HPV57_Alpha_60882_nt4230_AOS_rc|1
AAAACACAATGAGTATGTACACTACTGCAGCAGACGGACGTACAGCATCAACAACAAAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt4120_AOS_rc|2
ACAGGACAATGGGATACGACCCGCCCGTGCCCTTGTACACAGCAGGATACATTGCAGTAT
>HPV57_Alpha_60882_nt4061_AOS_rc|1
TACAGGGGGGAGGTATATACAGGGTAGCAGCAGTTGGTCACAATGTAATATCAACTATTG
>HPV57_Alpha_60882_nt4048_AOS_rc|1
TATATACAGGGTAGCAGCAGTTGGTCACAATGTAATATCAACTATTGTAGAAACCACAAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt7417_AOS_rc|1
TCAAAAAAAGTGCGTATGCAACTATTGTTAAAAGATATGTGAGTAATGTAGGTGAGCCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt7409_AOS_rc|1
AAGTGCATGCAACTATTGTTAAAAGATATGTGAGTAATGTAGGTGAGCCACGTCTAGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt7402_AOS_rc|1
TATGCAACTATTGTTAAAAGATATGTGAGTAATGTAGGTGAGCCACGTCTAGGCAAGCCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6352_AOS_rc|1
ATAGAAGTAGTTGGAGGTTACAGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGT

>HPV69_Alpha_6970418_nt6345_AOS_rc|2
TAGTTGGAGGTTACAGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6337_AOS_rc|1
GGTTCACGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAATCACCTATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5350_AOS_rc|1
CCATGTGGAAGAAGGTACAGGAGCATAAATGTCAGGGCCGTTATATATAGGTATATCAAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5309_AOS_rc|1
TATATATAGGTATATCAAATGATGTAGATAGAGGTATGGTAACATTTAAGGGTGCACTAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5302_AOS_rc|1
AGGTATATCAAATGATGTAGATAGAGGTATGGTAACATTTAAGGGTGCACTACTAGTGGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5295_AOS_rc|1
TCAAATGATGTAGATAGAGGTATGGTAACATTTAAGGGTGCACTACTAGTGGTTGAAAAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt7511_AOS_rc|1
GGCGGGCGGGATGTACATACCATGCCAAAAGAATTAAGGGTTATGCCAAAAACATAGGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt4842_AOS_rc|1
ACTAATAAAGTCTGGATTAGTAACCTTAACCTGTGAAAATGCCCTGCTATATAAACGAGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt4835_AOS_rc|1
AAGTCTGGATTAGTAACCTTAACCTGTGAAAATGCCCTGCTATATAAACGAGGTGCAGCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt2884_AOS_rc|1
GTTTTGATACTGCCGATGCTGGTACTTGTATGGTTAAGGGTTTGCATGTTTCTTTCTC
>HPV82_Alpha_6970427_nt2877_AOS_rc|1
TACTGCCGATGCTGGTACTACTTGATGGTTAAGGGTTTGCATGTTTCTTTCTCGTGCAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt2869_AOS_rc|1
ATGCTGGTACTACTTGATGGTTAAGGGTTTGCATGTTTCTTTCTCGTGCAGTATAAAACA
>HPV82_Alpha_6970427_nt1366_AOS_rc|1
CCTACATTGGTAGCATTTTTCGTTTGTTCAGGTCTATCTCTGTACTTCTGTCGCTGCTC
>HPV82_Alpha_6970427_nt503_AOS_rc|1
GCGTTATTACACCTGGGTTTCACTACGTTGTCTTGGTGGTTTTCTGCAATTTGCACACTG
>HPV82_Alpha_6970427_nt493_AOS_rc|1
ACCTGGGTTTCACTACGTTGTCTTGGTGGTTTTCTGCAATTTGCACACTGTCCCGTCCAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6285_AOS_rc|1
AGGAGTTTCACGAATGTCAGTGCCCTTAATATACATGTCAGTGGAATAGTGTCCCCTAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6278_AOS_rc|1
TCACGAATGTCAGTGCCCTTAATATACATGTCAGTGGAATAGTGTCCCCTACCATGCCT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5355_AOS_rc|1
AACCATATATAGTTATGGCAAAGGTTGTATCAATTGGAGTAGAGGGTGTTAAAGGCAACT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5347_AOS_rc|1
ATAGTTATGGCAAAGGTTGTATCAATTGGAGTAGAGGGTGTTAAAGGCAACTGTGGGGTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5329_AOS_rc|1
GTATCAATTGGAGTAGAGGGTGTTAAAGGCAACTGTGGGGTTGTAGATGGTAATACAACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5209_AOS_rc|1
TATGTAGTGGATGCAGCAGAAGCCAATGAAGGAAGTATGTGGGAACGAGTAGTAAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5202_AOS_rc|1
TGGATGCAGCAGAAGCCAATGAAGGAAGTATGTGGGAACGAGTAGTAAATGTAGCAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5193_AOS_rc|1
CAGAAGCCAATGAAGGAAGTATGTGGGAACGAGTAGTAAATGTAGCATTATGAAATG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3453_AOS_rc|1
TTGTTTTGGCCTGCACTTCTACTGAGGAGTGGGAGGTCGACACCGTCCACGGACACGTTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1336_AOS_rc|1
TGTTACATTGTAATAATACTTTAAGTTGGGTAGTAGGTGATTTAGGATCCTGGTTTTTAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt7616_AOS_rc|1
TCATTTTATACTTTATAAGAAGAGTAGACAGATTGTTGGATGTAAAAGTAGTTGCACAGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7417_AOS_rc|1
CAAAGTGTGCGCCAAAATACGTGCCAGTGGTGAAAATATGTATGACTATTGTATGTGAGA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7410_AOS_rc|1

TGCGCCAAAATACGTGCCAGTGGTGAAAATATGTATGACTATTGTATGTGAGATTAACAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6277_AOS_rc|1
TACCAGTTCCTTTAATATATAACTCCTGTGGAATAGTGTACCCATTGTTCCAGCTCTGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5350_AOS_rc|1
CCTATATAGTGTGTCGTGGACGTAGATGTAGGTGTTATAAAAGGCCATACAGAAGTACTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5341_AOS_rc|1
TGTGTCTGTGGACGTAGATGTAGGTGTTATAAAAGGCCATACAGAAGTACTAGAAGGTAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5334_AOS_rc|1
TGGACGTAGATGTAGGTGTTATAAAAGGCCATACAGAAGTACTAGAAGGTAATACAATAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt4890_AOS_rc|1
AATCGGGAACATTACTAGTAGGTTCAAAATGTTAATGTAGAGTCAATAGGATTAAAGGCAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt3688_AOS_rc|1
TAGGAACACTATCCAAAATTTGGTTCGTTGATGCTCACTATCATACATTACAGTTAATA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3224_AOS_rc|1
ACAACGCCCCCAAATGCACTTCCCCTTATTACTGTTACCATATTTTTTACTTTTCATGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7526_AOS_rc|1
TGTTATAAGGGCGGGGTATGCATGACCGGGCCACAAGGACTGGACTACACAACATAAAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7516_AOS_rc|1
GCGGGGGTATGCATGACCGGGCCACAAGGACTGGACTACACAACATAAATGTATAGTTAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt7509_AOS_rc|1
TATGCATGACCGGGCCACAAGGACTGGACTACACAACATAAATGTATAGTTACTCACAAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6592_AOS_rc|2
TTGTAGCAGAGGGCGGGATGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCCCTCCGGAACAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5560_AOS_rc|2
GGGCCACTAAAAACAGGGACATCAAAGCTTGTAGACAGGGGAACAGTAGTGTGCGATACT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5552_AOS_rc|1
AAAAACAGGGACATCAAAGCTTGTAGACAGGGGAACAGTAGTGTGCGATACTGTGGAGAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5545_AOS_rc|1
GGGACATCAAAGCTTGTAGACAGGGGAACAGTAGTGTGCGATACTGTGGAGACAGTGGAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5533_AOS_rc|1
CTTGTAGACAGGGGAACAGTAGTGTGCGATACTGTGGAGACAGTGGATGATGCAGCCAAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5367_AOS_rc|1
TAGGGGTGTCAGACACCAGAGGTTGCATTTCTAACTCTTCAGCAGGAGTAATTGGACTTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3874_AOS_rc|1
GCAGCAGGTGTGTCCAAACAGATAGCCAGCAAATAAAAATCTCCAGGGTGTAGTATACAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5688_AOS_rc|2
GAAAGAATAAGTAATTAGGCAATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5655_AOS_rc|1
CTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5456_AOS_rc|1
AACAGACGTGGAAGAAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4263_AOS_rc|1
TCAAAAATGTATGGGAATACAAAAGGAACACAGTAAGGAGTCTACATGTGCATAAGCCTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4168_AOS_rc|1
TAAAATTATTAACAGTAATCCAGTATCAGCTTGCCCAAAAACAATCACATCATAGGACGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt4161_AOS_rc|1
ATTAACAGTAATCCAGTATCAGCTTGCCCAAAAACAATCACATCATAGGACGGCCCCCCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4146_AOS_rc|1
GTATCAGCTTGCCCAAAAACAATCACATCATAGGACGGCCCCCCCCGTCGTGTTTCCAAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4139_AOS_rc|1
CTTGCCCAAAAACAATCACATCATAGGACGGCCCCCCCCGTCGTGTTTCCAATGGATACA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3615_AOS_rc|1
TGTTCTACACTGCTATACCGCAAGGTAACAAAGGTTGCTTTAGTGGCTGTCTCCCCGCAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt3406_AOS_rc|1
GCACTCAGTGTACCGTAGAATCCGTGGGTACTAGTGTCCAGCCGCTTTTGATGTTGTTT

>HPV13_Alpha_85827580_nt7631_AOS_rc|1
AAAATGAGTGATAGAAAGATTAGTAAGATTTAGTAAACATATATAACCGCGCCCTAGCAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7556_AOS_rc|1
TGATTTTGGCAAGCGGTGGATAATTTTGGCAGGCGGTAGGTAAGATTATATAAACAGCGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt4886_AOS_rc|1
TGTCTTCTGTAGAATGAGGGGAAATAGTAGATGGCGATATAAACACGTGTGCACCACTTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt4879_AOS_rc|1
TGTAGAATGAGGGGAAATAGTAGATGGCGATATAAACACGTGTGCACCACTTTCAATAGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4872_AOS_rc|1
TGAGGGGAAATAGTAGATGGCGATATAAACACGTGTGCACCACTTTCAATAGAAGGTTGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4865_AOS_rc|1
AAATAGTAGATGGCGATATAAACACGTGTGCACCACTTTCAATAGAAGGTTGAGATTGTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3968_AOS_rc|1
AAAACCTCTGATATCCACAATATTGTTATAATGCTAACTACACACACTGTAAGTGCAATTA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4623_AOS_rc|1
TCAATGATAACAGGCGGCCTGGGCGTTGGACCAATGTCAACTACAGTGGTGGGTCGCGAA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4220_AOS_rc|2
CATCAACAATAAAAAGGCGATTAGGATAAGAATCACCAACAGACATTGAACATCATCATG
>HPV2_Alpha_9626032_nt4210_AOS_rc|1
AAAAAGGCGATTAGGATAAGAATCACCAACAGACATTGAACATCATCATGACCCACAGT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4178_AOS_rc|1
ACATTGAACATCATCATGACCCACAGTACCACAGGATATGTTCCCTCAGATCCCTTATA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4105_AOS_rc|1
ATTGCAAAATCTCACACAATGGGTATATAGACTATGTATACAAGCTAGCAGCAACGTATGG
>HPV2_Alpha_9626032_nt4098_AOS_rc|1
ATCTCACACAATGGGTATATAGACTATGTATACAAGCTAGCAGCAACGTATGGCGAAATA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4091_AOS_rc|1
ACAATGGGTATATAGACTATGTATACAAGCTAGCAGCAACGTATGGCGAAATAATAACGA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4084_AOS_rc|1
GTATATAGACTATGTATACAAGCTAGCAGCAACGTATGGCGAAATAATAACGACTATGGT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4077_AOS_rc|1
GACTATGTATACAAGCTAGCAGCAACGTATGGCGAAATAATAACGACTATGGTAAAAACC
>HPV41_Nu_9626041_nt6645_AOS_rc|3
TGTAGAATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTGCCTTAAAAACTCAAAAAACTTAGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6603_AOS_rc|2
AACTCAAAAAACTTAGAATTGTTATATGAAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt3682_AOS_rc|1
TGAAAGTAGTCCCCAGATACATTATGTCACCGCTATACTTGTTTTTCCATTTGTACCTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt3148_AOS_rc|1
TACCAGTGTCAATCAATGCCACCTCTAGCTTTATACCATTTCATCTGTTGGTGTAATATAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2640_AOS_rc|1
GCCAAAATTTCCATAAAAAAGAGTTCCATGTATAACCATCAATGTAATATAACGGTTGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt2632_AOS_rc|1
TTCCTAAAAAAGAGTTCCATGTATAACCATCAATGTAATATAACGGTTGCCATTTCCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt2578_AOS_rc|1
TTTCCTTTAAGAGGAAATGGCTTGTTAAAGTACACATACATTGTTCTGGTTTGCAGATAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2569_AOS_rc|1
AGAGGAAATGGCTTGTTAAAGTACACATACATTGTTCTGGTTTGCAGATATTTGAATTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt2561_AOS_rc|1
TGGCTTGTTAAAGTACACATACATTGTTCTGGTTTGCAGATATTTGAATTCATCTAATCG
>HPV41_Nu_9626041_nt1591_AOS_rc|1
TCAATGTATAAAAAATTGGCATTGTTGTTCGAGCAAAACCTCCATAGCACTTATCTCACTA
>HPV1_Mu_9626063_nt7292_AOS_rc|1
CAATCAGAGAACACAAAAATGCACACTTGTGTATAATGCACCGGAGTCTAAACAAATAA
>HPV1_Mu_9626063_nt7272_AOS_rc|1

TGCACACTTGTGTATAATGCACCGGAGTCTAAACAAATAAATCCTCAACAATCTGGAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt7265_AOS_rc|1
TTGTGTATAATGCACCGGAGTCTAAACAAATAAATCCTCAACAATCTGGAATATATGCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6565_AOS_rc|2
AAATATTAGGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5769_AOS_rc|2
ATAATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt5578_AOS_rc|2
CTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTACAGTTTGATTACTGGAGATCTCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5255_AOS_rc|1
AGGATTAATTATTGGAGTCCCTTTAGAAGAATTTGGGTAATATACATGCAAGCTAGTATC
>HPV1_Mu_9626063_nt5157_AOS_rc|1
AATCTAGTATAGAAACCTCACCTCTGAGTTAGTAATAGTAAGTTGCAAATTTTCGCCCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5119_AOS_rc|1
GTAAGTTGCAAATTTTCGCCCACACTTTCGTTTGTGTCTAAAAGCTCTTCTTCTGAATAT
>HPV1_Mu_9626063_nt3748_AOS_rc|1
TTCCATTAATTTTAAGACCCATTAACTGTCCCAAAAACACAGACACTGATCTGGGCAAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5352_AOS_rc|1
GGGACCGTTACATTACTATAGGAAGAGGCAGAAGATATAGTGGGCGAATATTTAAAAAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5359_AOS_rc|1
GGTTAAAGGACCGTTACATTACTATAGGAAGAGGCAGAAGATATAGTGGGCGAATATTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5345_AOS_rc|1
TTACATTACTATAGGAAGAGGCAGAAGATATAGTGGGCGAATATTTAAAAAATGCAAAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5338_AOS_rc|1
ACTATAGGAAGAGGCAGAAGATATAGTGGGCGAATATTTAAAAAATGCAAAGGAGGTAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5331_AOS_rc|1
GAAGAGGCAGAAGATATAGTGGGCGAATATTTAAAAAATGCAAAGGAGGTAGTAGAACGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5324_AOS_rc|1
CAGAAGATATAGTGGGCGAATATTTAAAAAATGCAAAGGAGGTAGTAGAACGCGATGGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt1507_AOS_rc|1
AAATACTGCTAACATAGCTCCTTGTTTATTGTTTACTTTTAAACAAGTCTTTAATTGTGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt1479_AOS_rc|1
TTGTTTACTTTTAAACAAGTCTTTTAATTGTGCTATGGTACATTGTGGATTACATTTTCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6989_AOS_rc|1
GTTTATTTCACTATAGTTCACAAAAACAGATACATACACGTTTGCAAATCTTATATAATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6804_AOS_rc|2
CGTTTGGTATTAGTTTGTGCATGAGAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTGTAGAGAACCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6192_AOS_rc|2
GTCCCTACATAAATATGAGGTCCTAAAGTGACTGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5220_AOS_rc|2
TATACAAAAATCCGTACTAAATATATCAGATAACAAAGCTGGTTCTAGAGGAACAAATGGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4544_AOS_rc|1
TAGTAGGTATTTGCTGAACCTTCTATTATATAAATCCCGTGCTCTTCTTATGACGAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt3693_AOS_rc|1
ATTCAATGAGCCGTAGGTATATGTACACAGTTTAGGAAAAAGGTTGTGTTTTACAAAAGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt3685_AOS_rc|1
AGCCGTAGGTATATGTACACAGTTTAGGAAAAAGGTTGTGTTTTACAAAAGCGTCTCTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt3678_AOS_rc|1
GGTATATGTACACAGTTTAGGAAAAAGGTTGTGTTTTACAAAAGCGTCTCTTTGGTCAGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt3670_AOS_rc|1
TACACAGTTTAGGAAAAAGGTTGTGTTTTACAAAAGCGTCTCTTTGGTCAGTGCTATCAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3649_AOS_rc|1
TGTGTTTTACAAAAGCGTCTCTTTGGTCAGTGCTATCAAATGCAATAAGCATGCGACTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6415_AOS_rc|2
TATACTCATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTA

>HPV63_Mu_9626605_nt6407_AOS_rc|1
TTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTATATTCATC
>HPV63_Mu_9626605_nt5232_AOS_rc|1
CTAAATGTATAATAATTAATGGAATGTCAAGATCAGTAGGATTTATAGTAGGTGATCCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5225_AOS_rc|1
TATAATAATTAATGGAATGTCAAGATCAGTAGGATTTATAGTAGGTGATCCAACACTAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt4424_AOS_rc|1
AAAATTAAGTAGTGGTATTTCTTGTCTACTATTTGACCCGGCGTATCTACATCTATAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt4417_AOS_rc|1
ACTAGTGGTATTTCTTGTCTACTATTTGACCCGGCGTATCTACATCTATAAAAATATTA
>HPV63_Mu_9626605_nt3091_AOS_rc|1
TGGCCTCTTCTTGAAAGTCAACATAGTAGTTTTTGACACCATCATATTCTAAATAAAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt3064_AOS_rc|1
AGTTTTTTGACACCATCATATTCTAAATAAAACACACCATGAACATCTACATCACTAGCTG
>HPV63_Mu_9626605_nt3051_AOS_rc|1
ATCATATTCTAAATAAAACACACCATGAACATCTACATCACTAGCTGCTTTTCTCCATCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7744_AOS_rc|1
ACACAGTTCATGTATGAACTAGGGTGACATTTAGTTGGCCTTAGAAGTTTAAACCTTATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7072_AOS_rc|2
TTAGCAGTTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGAGCTTTTCGTTTTTCCTAATGTAAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6912_AOS_rc|1
AAGTGTATTTTTTAAGGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTTTTGACAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6893_AOS_rc|1
ATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTTTTGACAAGCAATTGCCTGGGTTACAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6445_AOS_rc|1
TTTGAAGTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAAATCGTCTGGTACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6437_AOS_rc|1
GGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAAATCGTCTGGTACATTTTCACC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5494_AOS_rc|1
AATAATTGTATATTGTGGAGACCCTGGAAGTATAGGAATTAATGAAGGAGCTTGGTCAGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5487_AOS_rc|1
GTATATTGTGGAGACCCTGGAAGTATAGGAATTAATGAAGGAGCTTGGTCAGTTATATTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3973_AOS_rc|1
TACAATAAAACACCTAAACGCAGAGGCTGCTGTTATCCACAATAGTAATACCAATATTAT
>HPV5_Beta_9627145_nt5089_AOS_rc|1
TATTAGTCAAAGAGAAACCCCTCCTACGGCCTACAGATTGATTGCGTGGCAATGGAGTAC
>HPV5_Beta_9627145_nt6974_AOS_rc|1
GCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATACTGAAA
>HPV5_Beta_9627145_nt5159_AOS_rc|1
AAACGAACTAACTTAGATGGTTGAGTTAGAAACAATGGATTGTCCACTTGTACCTGCTGT
>HPV5_Beta_9627145_nt4026_AOS_rc|1
ATGTATTTAATTTTAGCTCTGTTGCGGACATTTTTCAGTGTGTTAGCCGCCCCCTTGACA
>HPV5_Beta_9627145_nt4019_AOS_rc|1
TAATTTTAGCTCTGTTGCGGACATTTTTCAGTGTGTTAGCCGCCCCCTTGACAATGATTA
>HPV5_Beta_9627145_nt2365_AOS_rc|1
TGTATATCCAACAAGGGTCTGTTACATCATCCAATAGAGCTATCTTGCACTCTGAAAGGG
>HPV5_Beta_9627145_nt2174_AOS_rc|1
GGCACTGAGTGTAGGAATTCTTTTAATGCAGTTAGGAATACAATAAAGTTTATATTTTGG
>HPV5_Beta_9627145_nt215_AOS_rc|1
AGTCTCTAATACTTAAAGGTAATTCTGCCTTATCTTTTTCTGTCAGTTTCTGTTGGTGT
>HPV5_Beta_9627145_nt208_AOS_rc|1
AATACTTAAAGGTAATTCTGCCTTATCTTTTTCTGTCAGTTTCTGTTGGTGTTCGGCTCC
>HPV10_Alpha_9627257_nt7080_AOS_rc|3
GATCCTGCTTCTCGGTGGGGGTGTATCTTCTGACAAGTAATGGCTGAAGAGGACAAAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt6618_AOS_rc|3

CAACGTCTCGCCCCCACC GTT GCTCTTTAATATGAAAGTGTCTGGGATGGCGTCTCCAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt6609_AOS_rc|2
GCCCCCACC GTT GCTCTTTAATATGAAAGTGTCTGGGATGGCGTCTCCAACAGCACTAG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6600_AOS_rc|3
CGTTGCTCTTTAATATGAAAGTGTCTGGGATGGCGTCTCCAACAGCACTAGCCCGATTAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt5534_AOS_rc|1
TGGAAAGTGTAGAAGACAAAGGGGAAGTGGTATTATATCCCCTGGACTGTGTGGTACTAC
>HPV10_Alpha_9627257_nt5527_AOS_rc|1
TGTAGAAGACAAAGGGGAAGTGGTATTATATCCCCTGGACTGTGTGGTACTACGATATCC
>HPV10_Alpha_9627257_nt5520_AOS_rc|2
GACAAAGGGGAAGTGGTATTATATCCCCTGGACTGTGTGGTACTACGATATCCCCTCTGTA
>HPV10_Alpha_9627257_nt5513_AOS_rc|1
GGGAAGTGGTATTATATCCCCTGGACTGTGTGGTACTACGATATCCCCTCTGTAAAAGCAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt5506_AOS_rc|1
GGTATTATATCCCCTGGACTGTGTGGTACTACGATATCCCCTCTGTAAAAGCAACATCACC
>HPV10_Alpha_9627257_nt5499_AOS_rc|1
TATCCCCTGGACTGTGTGGTACTACGATATCCCCTCTGTAAAAGCAACATCACCATCATCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7307_AOS_rc|1
TATAAGGGACACCACCTAAGGTTCCCTCCCATACCTCAGGGGTAAAACAAATGACAAATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7291_AOS_rc|1
TAAGGTTCCCTCCCATACCTCAGGGGTAAAACAAATGACAAATAGTGTAGTAAAGACATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7283_AOS_rc|1
CTCCCATTACCTCAGGGGTAAAACAAATGACAAATAGTGTAGTAAAGACATGTAACCATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7275_AOS_rc|1
ACCTCAGGGGTAAAACAAATGACAAATAGTGTAGTAAAGACATGTAACCATGCATGAAGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5390_AOS_rc|1
GAAGATGTGGGCGTGTAATGTCTGACCCACTATATACAGGTAGTTCAAATGAGGTGGAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5377_AOS_rc|1
TGTAATGTCTGACCCACTATATACAGGTAGTTCAAATGAGGTGGATAAAGGCACAGTAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5316_AOS_rc|1
ATTGGTAGTGGAAGTATTAATAGAGGAAAACACATTGGAGGCATATCTTGGAACCTGGTAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5309_AOS_rc|1
GTGGAAGTATTAATAGAGGAAAACACATTGGAGGCATATCTTGGAACCTGGTAATGTTGTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5302_AOS_rc|1
TATTAATAGAGGAAAACACATTGGAGGCATATCTTGGAACCTGGTAATGTTGTAGGGGAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5291_AOS_rc|1
GAAACACATTGGAGGCATATCTTGGAACCTGGTAATGTTGTAGGGGAATATGACATGCGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7703_AOS_rc|1
AAATACAGTAGTCATAACATGAACAAAGGAAGAAGGAAATAAGTAAATGCAAAGCTATGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7687_AOS_rc|1
ACATGAACAAAGGAAGAAGGAAATAAGTAAATGCAAAGCTATGCCAACCTTTCTAAACAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4954_AOS_rc|1
AAGAGTCTACCATTACCCTCTACTGGCAAAGAAGGCCGTAAAGTAAAAGGATCACTGTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4946_AOS_rc|1
ACCATTACCCTCTACTGGCAAAGAAGGCCGTAAAGTAAAAGGATCACTGTATACTGGATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4927_AOS_rc|1
AAAGAAGGCCGTAAAGTAAAAGGATCACTGTATACTGGATTGTGGGACGTAGTAGATGCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4909_AOS_rc|1
AAAGGATCACTGTATACTGGATTGTGGGACGTAGTAGATGCAACCCTTATAGTATTGGTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4313_AOS_rc|1
GTACTAATATACAAATAAACACTGTGGCTAAAAACCACAGCAGCAGCCACACATCGCCAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4298_AOS_rc|1
TAAACACTGTGGCTAAAAACCACAGCAGCAGCCACACATCGCCATTTTCTAAAGTACAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4289_AOS_rc|1
TGGCTAAAAACCACAGCAGCAGCCACACATCGCCATTTTCTAAAGTACAATGTACCATAT

>HPV32_Alpha_9627327_nt4282_AOS_rc|1
AAACCACAGCAGCAGCCACACATCGCCATTTTCTAAAGTACAATGTACCATATTATCACG
>HPV34_Alpha_9627334_nt7302_AOS_rc|1
AAACCTTTGTGCTAAAACAGCACAAACAGACCAAACATGTTATAGTATAGGCAACCGAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt4466_AOS_rc|1
CCACAGATGTTGTTACATTAAATCCAGAACTAGAAGGCACTATGGAGGTAGGACCTGGCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt4457_AOS_rc|1
TTGTTACATTAAATCCAGAACTAGAAGGCACTATGGAGGTAGGACCTGGCACACCAGCTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt4338_AOS_rc|1
GTAATAACAGGAGGTCTGGTAGGTTGCAAAGGAATTTCAACTGGTCTAGATGGAGTAGTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt4325_AOS_rc|1
GTCTGGTAGGTTGCAAAGGAATTTCAACTGGTCTAGATGGAGTAGTTGTGGGTAATGGCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt4316_AOS_rc|1
GTTGCAAAGGAATTTCAACTGGTCTAGATGGAGTAGTTGTGGGTAATGGCACATATCCTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt3909_AOS_rc|1
TTAACAGGGATTGGGACACATGTAAAAAGTAATTATAATCAAAAGCAATAACCATGCAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt3138_AOS_rc|1
TATAATCTACATGGCTACTCACTTTATACCACTTGCCTTCCAACCAATAATACACAAATG
>HPV34_Alpha_9627334_nt739_AOS_rc|1
CATAAGCAGGTCTTCTAACACTAATAGGTCAGCGTGTGTGCTCTCAATGGTAAGACACAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt317_AOS_rc|1
TAAATTCTCTAACGTCCGTCCATACACTGATTGGTTATATCTTCTATATTGTCTAACCTT
>HPV49_Beta_9627363_nt7123_AOS_rc|1
CAAAAGTTATACTGCTCATATGGATCTTTTCTTTCTGGAGCAGGTTGTTTGTCTAGGGCAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6649_AOS_rc|2
ATGGAGCTGCCAAGAGTATTTTGGGCCTGTTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTTA
>HPV49_Beta_9627363_nt6639_AOS_rc|1
CAAGAGTATTTTGGGCCTGTTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTTATCCTGACCTA
>HPV49_Beta_9627363_nt5574_AOS_rc|1
AATCTTGTACATAAAAGGTATCAGATCTGGGAGTAGAGAAGCGGGGTACAGTAAATGTGG
>HPV49_Beta_9627363_nt470_AOS_rc|1
GCTTTTCCAACAAATCTAGCCTCTTAAGGCAAATGAGACATCTGACTACTATCTCAGCAA
>HPV49_Beta_9627363_nt413_AOS_rc|1
CAATATTAGCCGCTGCTCGTCTTCTATTTCGATGCCTACGACAATTTCTTGGTGATAAT
>HPV49_Beta_9627363_nt406_AOS_rc|1
AGCCGCTGCTCGTCTTCTATTTTCGATGCCTACGACAATTTCTTGGTGATAATTAGTAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7601_AOS_rc|1
GCAGCCTACAGTAAGTGACTAATAGGTAAGGCATAGTGTATAAAACAAAAAACATTAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7445_AOS_rc|1
AATGGAGGGTACCAAAAAGGCGCCAAACTAAAATGGATACCTATAAGCTATACTATATGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7121_AOS_rc|1
ACATACACAATACAGACACACAACATACTATTTGCGTTTTCGCTTGGAGGAGGGGGCTGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7114_AOS_rc|1
CAATACAGACACACAACATACTATTTGCGTTTTCGCTTGGAGGAGGGGGCTGAGGTAGAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7106_AOS_rc|1
ACACACAACATACTATTTGCGTTTTCGCTTGGAGGAGGGGGCTGAGGTAGATGTAGTAGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5495_AOS_rc|1
TATCAAAAGGAGATTGAGGTGCATAAGGCCATGTAGGGGTCTGTGGGCAACACTACAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt1374_AOS_rc|1
TGTATTTGTTGCACTGGCATTATATCCTGTCTATCCACATCCATATCACTTCCTGACCCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt1003_AOS_rc|1
GTGTAGATATTATATTACTATTGTCTATAAACCCATCCAAATCAGATTTCGGTGCTTTTCCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt996_AOS_rc|1
TATTATATTACTATTGTCTATAAACCCATCCAAATCAGATTTCGGTGCTTTTCCTCGTCTGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt304_AOS_rc|1

TACACTGAACAATTGTAATATCTTAATTTTCGGACCTTACTATAAAAATAGCAAACAGAAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7661_AOS_rc|1
ACATGGTGACTTGCCAACCGAGACTGGAAACGGTTATGGGTGGAAATTGAAGGATTTATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7654_AOS_rc|1
GACTTGCCAACCGAGACTGGAAACGGTTATGGGTGGAAATTGAAGGATTTATATAGTTAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5532_AOS_rc|1
ATTTGCTATGCGTGTAGAATTACCTGGATACAAGGAATAGGTAGAAGTTGGTGTATTATT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4044_AOS_rc|1
AAGAATAGAAAATAGTGGCCATCAAAGAGCTCCAGACACAGAAATCAGGTATATGCATGCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt3461_AOS_rc|1
TGATGGACAAGTCTCCGTCTCTCCTTCGCTTTCGGGGCGGTGCGTGGCTGTCGTTGTATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt1393_AOS_rc|1
CTACCACCTGTGTACGCGGACTAAGTTGCTGTATAACATCACTGCTTCTCTTAGCACTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt1375_AOS_rc|1
GACTAAGTTGCTGTATAACATCACTGCTTCTTCTAGCACTTCAACCGCTTCCGTTTCAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt1368_AOS_rc|1
TTGCTGTATAACATCACTGCTTCTTCTAGCACTTCAACCGCTTCCGTTTCAACTGTCGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt1360_AOS_rc|2
TAACATCACTGCTTCTTCTAGCACTTCAACCGCTTCCGTTTCAACTGTCGCAGCCCTCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt1343_AOS_rc|1
TCTAGCACTTCAACCGCTTCCGTTTCAACTGTCGCAGCCCTCCCACTGCCCCCTCTATA
>HPV9_Beta_9627396_nt7206_AOS_rc|1
AGGTTTCGCCCTTCTCTTAGCATTTTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTC
>HPV9_Beta_9627396_nt6606_AOS_rc|1
ACCCACTTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt6591_AOS_rc|1
GATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTGCTGGCAAAAAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt4763_AOS_rc|1
TCTATGTTTTTCAGAAGATGCTGTGTATGATTCCCTAGGACCACCTACTAGCTGGCCCCCA
>HPV9_Beta_9627396_nt3918_AOS_rc|1
ATGTGTCAAAGGCTAAAATCATTCGCGCTCTTCCAACCTCTATCACAACCTGTCTTCCCCTA
>HPV9_Beta_9627396_nt3831_AOS_rc|1
TTACTAAGCCTCTTTTTTTTTTTTTCGCTTCCCGAAAGCGATAGCACTTAAGCACATTGGCGT
>HPV9_Beta_9627396_nt825_AOS_rc|1
CAGTTGTATATCACCCAGCAAAAGTTCCGTGTTGCGCTCGAATTCCTAAATTTGTAGCAAG
>HPV9_Beta_9627396_nt789_AOS_rc|1
TCGAATTCCCTAAATTTGTAGCAAGCACGTATAAACGAAGTCTTGCACCGCAACCACAGCC
>HPV9_Beta_9627396_nt768_AOS_rc|1
AAGCACGTATAAACGAAGTCTTGCACCGCAACCACAGCCAGCTACGATCTTGTAGGGAGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7521_AOS_rc|1
TAAATCAATGTTGGAATGCAAAGGGCGTGTTTTTACACAATGGAAAGTGAAGTTGTTCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt7511_AOS_rc|1
TTGGAATGCAAAGGGCGTGTTTTTACACAATGGAAAGTGAAGTTGTTCTGACAGTTATAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4184_AOS_rc|1
TTTCCGGCGTGGGGCTCTTGCTTTAGCCATAATACACAAATATATCTACACAATATTTAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3162_AOS_rc|1
TCCATATTCCCCATACTTAGATGCTTCCTTTTTTAAATCCACATAATACACTTTGTGTTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3153_AOS_rc|1
CCCATACTTAGATGCTTCCTTTTTTAAATCCACATAATACACTTTGTGTCTGCATCCAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2990_AOS_rc|1
TTATCCTGATGCCCATCAAATATAACATCTACTGTTTGTCCACGTCTTTTTTAAGCAACCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1334_AOS_rc|1
TGCTACACGAATATTTGTGTTATGTATTAATTCTGTAATTTGCTGCCTTCCTAGGCTATC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1315_AOS_rc|1
TTATGTATTAAATCTGTAATTTGCTGCCTTCCTAGGCTATCTGTAGTTGTTTCCCAGAT

>HPV54_Alpha_9628437_nt201_AOS_rc|1
CAAATAGGTCTTATATTGAAATGCATAAATCTCTGCTGTACACACCGTCTTCTTGCAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6245_AOS_rc|1
TGAATTACTGAATTTACTAACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6237_AOS_rc|2
TGAATTTACTAACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCACACCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1745_AOS_rc|1
TCAGTGTGTTGTTCTATAATCCATTTAGGATAAGACCCATGTGTAAAGGTAGCAGCATTTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1629_AOS_rc|1
GATAAAATTTGCTCCTCTGCCACATATAACATAGACACTAATAACCTTATAACAGTTTGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1571_AOS_rc|1
GTCTATTTTTGCCAGCCTTGAAACACAACAGATATAAAAACATTGCAGACATTTCTGTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt441_AOS_rc|1
CACCTTACAATAATGTCCGAAAGAGGTGTATTTTCTTTTTGTTCTATTTCCCAACCTATC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt434_AOS_rc|1
CAATAATGTCCGAAAGAGGTGTATTTTCTTTTTGTTCTATTTCCCAACCTATCACACTCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt427_AOS_rc|1
GTCCGAAAGAGGTGTATTTTCTTTTTGTTCTATTTCCCAACCTATCACACTCTCTACAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt419_AOS_rc|1
GAGGTGTATTTTCTTTTTGTTCTATTTCCCAACCTATCACACTCTCTACAAAATAATTTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt193_AOS_rc|1
ATTTAATAATCTACTAAGTTCTAACACTGACTGAGGTTTACCTGGTTGAGCCATCAAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6713_AOS_rc|1
TATTAATAATGTAAACATTCTACATCTTTACTATCTTACTCTCCTACGCTTTGTAGATCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5284_AOS_rc|1
TTACCAACTATTAAAAGTCTTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATACATCCGTTTCTTGCACG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5113_AOS_rc|1
TCGTTTCTTACGTGGAATAAAAAAGGGATCTAAAGCAAAGTCTGAGTAACTATCAAATAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5101_AOS_rc|1
TGGAATAAAAAAGGGATCTAAAGCAAAGTCTGAGTAACTATCAAATAAAGGGAACCAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4718_AOS_rc|1
TAGCTTCTGTTGATATTGCAGACAAATCCATATAATAATGTACTTTAGGGCCTATAGTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4228_AOS_rc|1
AATAGCATTATTTAAAAATGGGTTTACCTGTGTTTGCAAGATAGTTTGTGTATAAGAATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4217_AOS_rc|1
TTAAAAATGGGTTTACCTGTGTTTGCAAGATAGTTTGTGTATAAGAATCATAAAACAACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2990_AOS_rc|1
TCCATATTTTACAGCATCAGGTTGAAATAAAGTAAAGTATACAAAATCACCATTTAGATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2327_AOS_rc|1
TCGGAATAATGAAACACGTAAGTCTACTTCTCAAATAAAATAGAGATTCATCAGTTGTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2319_AOS_rc|1
TTGAAACACGTAAGTCTACTTCTCAAATAAAATAGAGATTCATCAGTTGTTACATTAACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6292_AOS_rc|1
CTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5145_AOS_rc|1
ATGCGTCTTCTTTTTGGAAGAAGACCTGGATGTAAATCATAATCTGAATAATCTAAAACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5096_AOS_rc|1
AATCTAAAACAAAAAGGGGCTGTTTCAGAAACATTTGATTTTACTATCAAGGATGCATCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4938_AOS_rc|1
TTTTCTTCATCAGTAGCTGGTATAACTAAATGAGACTCTGTAAAATTATGTTCAACATCG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4929_AOS_rc|1
TCAGTAGCTGGTATAACTAAATGAGACTCTGTAAAATTATGTTCAACATCGTCTGTTAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4274_AOS_rc|1
CAAAGCTGGGGTCAACTAATACATTAACATTATTTATGTCTGGATTTATGAAGGGATTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4251_AOS_rc|1

TTAACATTATTTATGTCTGGATTTATGAAGGGATTAATCTGTGTTTCAAAAGTTGCTGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4244_AOS_rc|1
TATTTATGTCTGGATTTATGAAGGGATTAATCTGTGTTTCAAAAGTTGCTGCTATAGTAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1337_AOS_rc|1
TAGAAGCTTCAATTAAATCTTCTGCACAGGCAAAACTACAATAATCCAATTTTGTGTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5555_AOS_rc|1
ATAACTCTAAACTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5049_AOS_rc|1
AGTTTTCTGTAAATTCATCCTCTAGTATATTGTCAGGTATTAGGCCTTCATTTGTAGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5042_AOS_rc|1
TGTAATTCATCCTCTAGTATATTGTCAGGTATTAGGCCTTCATTTGTAGTTTCAGTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4903_AOS_rc|1
GTTTCTGCAGCTGGAATATCACTAATATCAAAATAAAAGTGAACCTTCTGACCAATAGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3700_AOS_rc|2
TATATGTACAACCTCTTGGCAAAGTTACTAATTTTATAAAAACATCTCGTTGTGTGGTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3684_AOS_rc|1
TGGCAAAGTTACTAATTTTATAAAAACATCTCGTTGTGTGGTATCATTA AAAACA ACTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3659_AOS_rc|1
ACATCTCGTTGTGTGGTATCATTA AAAACA ACTAACAATTTATGTCTAGAAGATTCTGGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3650_AOS_rc|1
TGTGTGGTATCATTA AAAACA ACTAACAATTTATGTCTAGAAGATTCTGGTACGTCTATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt7738_AOS_rc|1
GTCAAAAAAGATAGATGGAGCATTGTTCCAAACTGTGTGTGTTAGCAACCTGTCAAACAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7533_AOS_rc|1
TACCCGAACACAAGGAACACAGAAATGGGGAAGCTGCACAAAATAAGGCGTGCAACAATA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4298_AOS_rc|1
TGTGGGGAGGGAAAACACACAAGGTACACCACCTAATGTAAAAGCCTGTACAACAGTATT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4291_AOS_rc|1
AGGGAAAACACACAAGGTACACCACCTAATGTAAAAGCCTGTACAACAGTATTGCAATAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4243_AOS_rc|1
GTATTGCAATAAGCAGTAATAGCAAAAACAAAATAACAATCCGCAGTTTTGCTGATCCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4234_AOS_rc|1
TAAGCAGTAATAGCAAAAACAAAATAACAATCCGCAGTTTTGCTGATCCACAACCAGTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4221_AOS_rc|1
CAAAAACAAAATAACAATCCGCAGTTTTGCTGATCCACAACCAGTAATGCAAACCCCTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4187_AOS_rc|1
TCCACAACCAGTAATGCAAACCCCTGAGGGGAACCTAACAAGGGGATACATATTGCAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt3134_AOS_rc|1
CATAATATAGGCCCTTATATGACACTTTTCCAGGAACCTTATACCACAGATCAGTTTCTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt3127_AOS_rc|1
TAGGCCCTTATATGACACTTTTCCAGGAACCTTATACCACAGATCAGTTTCTGTGCTTTG
>HPV8_Beta_333074_nt6932_L1_AOS|1
ATGGGGAACTTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTCAGAGAATATCTGAGAC
>HPV8_Beta_333074_nt6473_L1_AOS|1
ACTTTAAGACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGACATAGTAAATGAGATAT
>HPV8_Beta_333074_nt6360_L1_AOS|1
AAAAGCCATTCCATGTGCAGAGGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAACTAAA
>HPV51_Alpha_333087_nt6559_L1_AOS|1
GCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTAACCTTTAAGCAATATATTAGGCAT
>HPV51_Alpha_333087_nt6048_L1_AOS|1
CACACCTGTACCTCCAGGAGACTGCCCCCCCCCTGGAACCTTGATCCTCTGTCAATTCAGGA
>HPV51_Alpha_333087_nt6041_L1_AOS|1
GCAAAAACACACCTGTACCTCCAGGAGACTGCCCCCCCCCTGGAACCTTGATCCTCTGTCA
>HPV20_Beta_1020162_nt6739_L1_AOS|1
AATGCATTCTACATTCCACCTGTGAATAATCAGGCACAGAACAACCTAGGTAATTCAATG

>HPV20_Beta_1020162_nt6956_L1_AOS|1
GCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTGATGTTTCTAAAATTCAAATTTATGATTCTCAGA
>HPV20_Beta_1020162_nt6944_L1_AOS|1
ATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTGATGTTTCTAAAATTCAAATTT
>HPV20_Beta_1020162_nt6936_L1_AOS|1
TACTCGAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTGATGTTTCTAAAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt7135_L1_AOS|2
AAACGTTCTGCTACGCGGAAAACGTCTAAAACGTGTAACGAAGGAACTTACCTCTTAA
>HPV22_Beta_1020178_nt7128_L1_AOS|1
CAGTGTGAAACGTTCTGCTACGCGGAAAACGTCTAAAACGTGTAACGAAGGAACTTAC
>HPV22_Beta_1020178_nt7121_L1_AOS|1
CCAGGGTCAGTGTGAAACGTTCTGCTACGCGGAAAACGTCTAAAACGTGTAACGAAGGA
>HPV22_Beta_1020178_nt7114_L1_AOS|1
GCCAGTGCCAGGGTCAGTGTGAAACGTTCTGCTACGCGGAAAACGTCTAAAACGTGTAAC
>HPV22_Beta_1020178_nt7107_L1_AOS|2
TGCAAGGGCCAGTGTGCAAGGGTCAGTGTGAAACGTTCTGCTACGCGGAAAACGTCTAAAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt7100_L1_AOS|2
CAGCGTGTACGGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAAACTCGAAAAGTGACCAAACTGTCAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt7120_L1_AOS|2
CAAACGGCCTGCAAACTCGAAAAGTGACCAAACTGTCAAAAGGAAAAAGTGCAATTGTA
>HPV23_Beta_1020186_nt7113_L1_AOS|1
CCGGTACCAAACGGCCTGCAAACTCGAAAAGTGACCAAACTGTCAAAAGGAAAAAGTGCA
>HPV23_Beta_1020186_nt7093_L1_AOS|1
TGGAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAAACTCGAAAAGTGACCAAAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt7086_L1_AOS|1
TTCAAATTTGGAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAAACTCGAAAAGTGA
>HPV23_Beta_1020186_nt6046_L1_AOS|1
TGCAGAAAATTTCTAGTGAACGTTCAGGAAGGTACTGTAGATGACAGAAGAAATATCTCATTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6496_L1_AOS|1
CAACTTTTTCGCTCGGCATTTTTTTTAAATAGAGCTGGTGTGCTGGGGACACCATTCCTGAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7188_L1_AOS|1
ACGTCCAGCGTCCACCACGAGAGGATCGTCTGCTGCAAAACGAAAACGCGCCAAAAAGTA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7181_L1_AOS|1
TTCGCAAACGTCCAGCGTCCACCACGAGAGGATCGTCTGCTGCAAAACGAAAACGCGCCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt6503_L1_AOS|1
TCGCTCGGCATTTTTTTTAAATAGAGCTGGTGTGCTGGGGACACCATTCCTGAAACATTGT
>HPV29_Alpha_1020210_nt7244_L1_AOS|1
CGTTTCAGTAGTCCCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCTGCAAAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt7264_L1_AOS|1
AAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCTGCAAAGCGAAAACGCTCGAAAAAGTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7257_L1_AOS|1
CCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCTGCAAAGCGAAAACGCTCGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7237_L1_AOS|1
GCGCCGGCGTTCAGTAGTCCCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6611_L1_AOS|1
GTAGGGGACAAAATCCCAGATTCTTGTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGAACTCCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6604_L1_AOS|1
TGGTGTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCTTGTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6597_L1_AOS|1
ATCGTGTGTTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCTTGTACTTAAAGGGTAACAACG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6588_L1_AOS|2
ACTTCTTTAATCGTGTGTTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCTTGTACTTAAAGG
>HPV36_Beta_1020218_nt6692_L1_AOS|1
GGTGACGACATCCCTGACGCCAGAATTGATAATGGGACTTTTAAGAATCAGTTTTTCATT
>HPV36_Beta_1020218_nt6701_L1_AOS|1

ATCCCTGACGCCAGAATTGATAATGGGACTTTTAAGAATCAGTTTTTCATTCCTGGGGCT
>HPV37_Beta_1020226_nt7176_L1_AOS|1
TAGACCTAGAAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGTCTAAAGGTACAAAGCGTAAACGGTC
>HPV37_Beta_1020226_nt7162_L1_AOS|1
TCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGTCTAAAGGTACA
>HPV37_Beta_1020226_nt7155_L1_AOS|1
CTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGTCTAA
>HPV37_Beta_1020226_nt7147_L1_AOS|1
AAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt7140_L1_AOS|1
AGGGAGGAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTC
>HPV37_Beta_1020226_nt6528_L1_AOS|1
TATTCCCAGATGGCACTGTTAATCAGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCA
>HPV37_Beta_1020226_nt6225_L1_AOS|1
TAAAGCACCAAGTTTGTGCATCAGAGGAAAATAATCAGACAGGACAGTGTCCACCACTTGA
>HPV38_Beta_1020234_nt7123_L1_AOS|1
GAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAAATCTTCCAAATCTGTAAACGCAAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt7116_L1_AOS|2
ACAGCACGAACACGTGCTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAAATCTTCCAAATCTGTAAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt7109_L1_AOS|1
TTTACAAACAGCACGAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAAATCTTCCAAATC
>HPV38_Beta_1020234_nt6918_L1_AOS|1
CCAGACAATTCTGTACACGATACATATCGTTACATAACATCTAAAGCAACTAAATGTCCA
>HPV38_Beta_1020234_nt6911_L1_AOS|2
ACCCACCCCAGACAATTCTGTACACGATACATATCGTTACATAACATCTAAAGCAACTAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6904_L1_AOS|1
GCTTTGTACCCACCCCAGACAATTCTGTACACGATACATATCGTTACATAACATCTAAAG
>HPV38_Beta_1020234_nt6480_L1_AOS|1
GGTACTGTCAACCAAAATCATAATTATTATTTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGC
>HPV38_Beta_1020234_nt6470_L1_AOS|1
TATTCCAGATGGTACTGTCAACCAAAATCATAATTATTATTTACCTGCAAAAAATGGACA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6709_L1_AOS|2
CAATATGTGCTGCTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAATATAAAC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6717_L1_AOS|1
GCTGCTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAATATAACAATACATG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6702_L1_AOS|1
AACATGACAATATGTGCTGCTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6498_L1_AOS|1
CCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGTTCCTAATGCCATATACTTT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6491_L1_AOS|1
GGACATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGTTCCTAATGCCAT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6477_L1_AOS|1
GGAACGGTTGGAGAGGACATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6470_L1_AOS|1
TAGGGCGGGAACGGTTGGAGAGGACATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7064_L1_AOS|1
GACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCTCTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7057_L1_AOS|2
GGCCCTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7050_L1_AOS|1
GCAACTAGGCCCTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6861_L1_AOS|2
CCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAGGTATATTAAAAGCACAGCTATTAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6854_L1_AOS|1
GCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAGGTATATTAAAAGCACAG

>HPV66_Alpha_1020290_nt6847_L1_AOS|2
AATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAGGTATATTAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6381_L1_AOS|2
TTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6212_L1_AOS|1
CTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTAACATCTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6195_L1_AOS|2
TGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTAACATCTTTAGCCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5992_L1_AOS|1
GTAAATTTTACAATAAATGTTAAGTCAGACGCTGGCGTTGCACAGCAATATGCTGCCACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5819_L1_AOS|1
ACCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5809_L1_AOS|1
TCTGACAAAGACCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5796_L1_AOS|1
TTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGACCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5738_L1_AOS|1
GTGTCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGTTAAGCACACCTATATTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5724_L1_AOS|1
TTTTTGCTAGGGATGGTGTCTATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGTTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6520_L1_AOS|1
GTCCTTCTACGCCTACCAGGCCTACCTCCAGGTCTTCCAAACGCCGACGCAGGCAAGTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6193_L1_AOS|1
TGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6186_L1_AOS|1
CTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6179_L1_AOS|1
AATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5813_L1_AOS|1
TTATTTTACCCATAATGGCACTGTTGGTGACAGTGTTCCAGAGGAGGGGTTTGAAGGTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4975_L1_AOS|1
GCATCCAAGTCACAGACGCAAACGCAAGCGCAAACGGTCTGGTTTTTAATGTTTTGCAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4968_L1_AOS|1
TTTATTTGCATCCAAGTCACAGACGCAAACGCAAGCGCAAACGGTCTGGTTTTTAATGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4961_L1_AOS|1
GATACATTTTATTTGCATCCAAGTCACAGACGCAAACGCAAGCGCAAACGGTCTGGTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4954_L1_AOS|1
TGCATTTTGATACATTTTATTTGCATCCAAGTCACAGACGCAAACGCAAGCGCAAACGGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4925_L1_AOS|1
GAACCTCCTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTTGCATCCAAGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6356_L1_AOS|1
GGCACTTTTGGAAATAGAGGTGGCATGGTGGGCGACACAATACCTTCAGAGTTATATATTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6854_L1_AOS|1
CCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAATATT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6847_L1_AOS|1
AATATGTCCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6652_L1_AOS|1
TTAAAGGTTACCTTCTACCTTTTCGTGCTTCCCTACAAGCTCTCTTTATGCATCCACAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6363_L1_AOS|1
TGGCGCTTCAGCTGCCGCTGGTAGTTGCCCCCACTTGAACCTGCCAGTACTGTTATACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6356_L1_AOS|1
CATGCAGTGGCGCTTCAGCTGCCGCTGGTAGTTGCCCCCACTTGAACCTGCCAGTACTG
>HPV107_Beta_126131393_nt7242_L1_AOS|1
TGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGACCACCAAATCGGTTGCAAAGCATAGCAAACGAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt7235_L1_AOS|1

CACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGACCACCAAATCGGTTGCAAAGCATAGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt7228_L1_AOS|1
CAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGACCACCAAATCGGTTGCAAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt7221_L1_AOS|2
CCTATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGACCACCAAATCGGT
>HPV107_Beta_126131393_nt7214_L1_AOS|1
GTAAATTCTTATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGACCACCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6639_L1_AOS|1
AGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6617_L1_AOS|1
ATCAAGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCCTTTGGGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6610_L1_AOS|1
ACAATAATCAAGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCCT
>HPV107_Beta_126131393_nt6603_L1_AOS|2
TGATACAACAATAATCAAGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6596_L1_AOS|1
CTATACCTGATACAACAATAATCAAGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6476_L1_AOS|1
GTGAGGAGGTGCCTCAGTCTTTTACCTTAAGGGGACCTCCTCCCGGCAACCCCTTAGCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5598_L1_AOS|1
ATTGATCATTTCCATGGCCCCGTCCCCACGCCCTTTGTTCCCTGTGGTTCCTAGCACTGCC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5614_L1_AOS|1
CCCCGTCCCCCAGGCCCTTTGTTCCCTGTGGTTCCTAGCACTGCCCCATATTCTGTATATA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5607_L1_AOS|1
TCCATGGCCCCGTCCCCCAGGCCCTTTGTTCCCTGTGGTTCCTAGCACTGCCCCATATTCT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5591_L1_AOS|1
TCCCGATATTGATCATTTCCATGGCCCCGTCCCCCAGGCCCTTTGTTCCCTGTGGTTCCTAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5584_L1_AOS|1
ATACAGGTCCCGATATTGATCATTTCCATGGCCCCGTCCCCCAGGCCCTTTGTTCCCTGTGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5577_L1_AOS|1
CCCCTATATACAGGTCCCGATATTGATCATTTCCATGGCCCCGTCCCCCAGGCCCTTTGTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6832_L1_AOS|1
CCACAGCGTCCTCTGTATCAGAATATACAGCTTCTAATTTTCGTGAGTATCTTCGCCACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7247_L1_AOS|1
TGCCCCACCAAGCTCTACCTCGACCCCCGCCCTACTAAACGTAAAAAGCGCAAAAAGTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6825_L1_AOS|1
TGTACTGCCACAGCGTCCTCTGTATCAGAATATACAGCTTCTAATTTTCGTGAGTATCTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6815_L1_AOS|1
TGTAACTATTTGTACTGCCACAGCGTCCTCTGTATCAGAATATACAGCTTCTAATTTTCG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6597_L1_AOS|1
CTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAGGGTGACACCTGGTAGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6590_L1_AOS|1
TGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAGGGTGACACC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6515_L1_AOS|1
CTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCTAATTTTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6508_L1_AOS|1
AATTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6010_L1_AOS|1
TGTACTTCACAACTGTTAATACTGGTGATGTCCCCCACTGGAATTAAAGAACACCCCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6699_L1_AOS|1
ATTAGTGCCGCTACCCAGAAGGCCTCTGAATATGACCCCTCTAAGTTTAATGAATATCTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6493_L1_AOS|1
ATTTAAAGGGCTCCTCAGGCCCCCGAGGATCCCTTAGCAGTTATGTATATGCACCCACCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6759_L1_AOS|1
CTGCCCACAAAACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACA

>HPV88_Gamma_167600365_nt6768_L1_AOS|1
AAACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTAGAAATACTTCCAGAACAGTAAAAAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6752_L1_AOS|1
TGGTTTGCTGCCCACAAAACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTAGAAATACTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6445_L1_AOS|2
ACGAATTGGAAGCTATATTCCAGCTTTGTAGAGTTCCTTTGGAGCCTGATATTTTAGCTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6173_L1_AOS|1
TTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6166_L1_AOS|1
CTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6158_L1_AOS|1
TACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6150_L1_AOS|1
TTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6143_L1_AOS|1
ATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6132_L1_AOS|1
GAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6515_L1_AOS|1
TCATACTATTTCTTGCCAGCAAAGCAAGATCAACAACAACGCACACTAGCAAACCTCTAC
>HPV110_Beta_186461194_nt6508_L1_AOS|1
ATCAAAATCATACTATTTCTTGCCAGCAAAGCAAGATCAACAACAACGCACACTAGCAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6757_L1_AOS|2
ATCAATTGTCTTTGATTCTTCAACTATGTAAAGTTTCTTTAGTTCCAGAAGTTTTATCTC
>HPV111_Beta_186461202_nt6466_L1_AOS|1
ATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAAACATTTTGGGTAACCTCCATTTATTATC
>HPV111_Beta_186461202_nt6445_L1_AOS|1
CAGTGCAACAAAATCACAATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAAACATTT
>HPV111_Beta_186461202_nt6436_L1_AOS|1
CAGATGCAGCAGTGCAACAAAATCACAATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7084_L1_AOS|2
AAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGGTACTGCAAAACGACGACGGACATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7075_L1_AOS|1
ACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGGTACTGCAAAACGACGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7068_L1_AOS|1
ACAGAACACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGGTACTGCAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7061_L1_AOS|1
CAGGATTACAGAACACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6902_L1_AOS|1
GATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTCTGCAAAAGATAGAGAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6670_L1_AOS|2
ACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6663_L1_AOS|1
TAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGCAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6650_L1_AOS|2
ACACTAGAAACACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6643_L1_AOS|1
GCTGATAACACTAGAAACACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6397_L1_AOS|1
TATTTTACCAGAGGAGGTAATGTTGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5981_L1_AOS|2
CAGTTCCCGTTTACTGGCTGTGGGCCACCCTTTTTTTCTTATAAAAAATAATTCTGGTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5744_L1_AOS|1
GTGCCATTGTACCGTCTGTTACACCTTCTGCAGTATCAATATATGGCACAGATTTTTAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5726_L1_AOS|1

CCACTTAGTGTCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTTACACCTTCTGCAGTATCAATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5700_L1_AOS|2
GACCTGATATTACATTTTCCTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCTATGTGCCATTGTCACCGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5693_L1_AOS|1
CAAGCAGGACCTGATATTACATTTTCCTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCTATGTGCCATTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5683_L1_AOS|1
TATATATACACAAGCAGGACCTGATATTACATTTTCCTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5673_L1_AOS|1
CAGTACCTGATATATATACACAAGCAGGACCTGATATTACATTTTCCTACAGTGCCACTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5642_L1_AOS|1
AAAATTGTTAACTACAGTCCCACTTGCAACAGTACCTGATATATATACACAAGCAGGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5627_L1_AOS|1
CTGCCTAACACAACAAAATTGTTAACTACAGTCCCACTTGCAACAGTACCTGATATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6573_L1_AOS|1
AACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6554_L1_AOS|1
TGGGTGAGGACCTGCCAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6189_L1_AOS|1
CCAATTTATATGATGTTGTGCCTGGCGATGACACCCGGGACAATCTTACTATGGACTATA
>HPV58_Alpha_222386_nt5791_L1_AOS|1
TTTCCATCAAAAAGTCCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAGGCTTAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6609_L1_AOS|1
TGTGTGCGCCTACTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGACTACAAAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6109_L1_AOS|1
TAATGTTACTGTAAAGCCAGGCGATTGCCCTGCATTAGAATTAATTACTAGTGTAATTCA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6102_L1_AOS|1
AATGTTCTAATGTTACTGTAAAGCCAGGCGATTGCCCTGCATTAGAATTAATTACTAGTG
>HPV92_Beta_27531786_nt7104_L1_AOS|1
ATCTGTTAATGGTCTTAAAGAAGCTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAAAAG
>HPV92_Beta_27531786_nt7116_L1_AOS|1
TCTTAAAGAAGCTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAAAAGAAAAAGTAACTA
>HPV92_Beta_27531786_nt7097_L1_AOS|1
CTAATACATCTGTTAATGGTCTTAAAGAAGCTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt7090_L1_AOS|1
GGATTAACATAATACATCTGTTAATGGTCTTAAAGAAGCTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6709_L1_AOS|1
CCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATTACAAAAGATTAGAGAATACACTAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt6434_L1_AOS|1
GTGTTGTGGGTGATACCATCCCAGATGCAGTTGTAAATGAAGACCATAACTTTATGTTAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6427_L1_AOS|1
CGCGGTGGTGTGTGGGTGATACCATCCCAGATGCAGTTGTAAATGAAGACCATAACTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6420_L1_AOS|1
GTTTGTGCGCGGTGGTGTGTGGGTGATACCATCCCAGATGCAGTTGTAAATGAAGACCA
>HPV75_Beta_2911544_nt7203_L1_AOS|1
AATTCCTTTTCAGGCAGGCTTACGAAGGGCTTCCAAGGTAACCAGAACAGCCAGTGTCC
>HPV75_Beta_2911544_nt6633_L1_AOS|1
CCGCTGGGCAGGCTCAAAACACTTTGGGCAACTCTATTTATGTTCCCACGGTCAGTGGTT
>HPV75_Beta_2911544_nt6624_L1_AOS|1
TACCTGCAGCCGCTGGGCAGGCTCAAAACACTTTGGGCAACTCTATTTATGTTCCCACGG
>HPV76_Beta_2911551_nt6655_L1_AOS|1
CTGCAGCTGTTGGACAGGCCCAAAACACTTTGGGTAGCTCTATTTACGTGCCTACCGTTA
>HPV76_Beta_2911551_nt7242_L1_AOS|1
CAAGCAGGCCTGCGACGGGCTTCCAGAGTATCCAGGACAGCCACTGTCCGCACAGCATCC
>HPV76_Beta_2911551_nt7234_L1_AOS|1
TTCTGTTTCAAGCAGGCCTGCGACGGGCTTCCAGAGTATCCAGGACAGCCACTGTCCGCA

>HPV76_Beta_2911551_nt6118_L1_AOS|1
GTTTGGAAATAGGTCGCGGACAACCCCTAGGAGTAGGGTCTACAGGTCATCCCCTATTTA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6602_L1_AOS|1
CCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCGGCAGTGCTATATAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt7240_L1_AOS|1
CAAACGCCGGGCGCCACCCCTCCCCAGCTTCGACCAAACGGAAGCGCTCCAAAAAGTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt7230_L1_AOS|1
TTCCCTCTCGCAAACGCCGGGCGCCACCCCTCCCCAGCTTCGACCAAACGGAAGCGCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt7223_L1_AOS|1
TCGGTGGTTCCCTCTCGCAAACGCCGGGCGCCACCCCTCCCCAGCTTCGACCAAACGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt7214_L1_AOS|1
CGACGTCGTTCCGTGGTTCCCTCTCGCAAACGCCGGGCGCCACCCCTCCCCAGCTTCG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6587_L1_AOS|1
GTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6579_L1_AOS|1
CGGGTGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTG
>HPV80_Beta_2911565_nt6571_L1_AOS|1
TACCAGCACAAACAGGCCAGCAACAACGTGTTTTAGCAAATTCCACATATTTTCCTACTG
>HPV80_Beta_2911565_nt6772_L1_AOS|1
TCACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAATATAATACACAAAATATTA
>HPV80_Beta_2911565_nt6763_L1_AOS|2
ACACTAATTTACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAATATAATACAC
>HPV80_Beta_2911565_nt6756_L1_AOS|1
ACAAGAAACACTAATTTACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAATAT
>HPV80_Beta_2911565_nt6749_L1_AOS|1
TGATAATACAAGAAACACTAATTTACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAAC
>HPV80_Beta_2911565_nt6562_L1_AOS|1
ACTTTTATTTACCAGCACAAACAGGCCAGCAACAACGTGTTTTAGCAAATTCACATATT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7253_L1_AOS|1
CCCGATAAAAAATCCACCAAAGGAAAAACCTGATCCTTATGAAAAATTAACATTCTGGAAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6984_L1_AOS|1
GTATATCTATATCTAGTGAAAATCAAGATATACAGCAAATACAATCATATGACTCACAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6179_L1_AOS|1
CTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATAGGCACTCCTA
>HPV65_Gamma_312100_nt6172_L1_AOS|1
TGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATAGGC
>HPV65_Gamma_312100_nt6165_L1_AOS|1
TGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATA
>HPV65_Gamma_312100_nt6158_L1_AOS|1
TTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCAC
>HPV65_Gamma_312100_nt6151_L1_AOS|2
TTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTA
>HPV65_Gamma_312100_nt6144_L1_AOS|1
AGAACCTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5585_L1_AOS|1
TGATTGATAATGGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTTGTTTGGAGACTCAGAGGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5576_L1_AOS|2
GGTTTGCAATTGATTGATAATGGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTTGTTTGGAGAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6906_L1_AOS|1
ACATCCCCCTCCAACAGCAAAGGAAGATCCTCTTAAAAAGTACAGTTTTTGGGAAATCAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6895_L1_AOS|1
CCTGTCAAAAAACATCCCCCTCCAACAGCAAAGGAAGATCCTCTTAAAAAGTACAGTTTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6760_L1_AOS|1
CCCTTACTGCAAATGTTATGCAATACATACACCATGAATCCAGATATATTAGAGGACT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6753_L1_AOS|1

AAAATATCCCTTACTGCAAATGTTATGCAATACATACACACCATGAATCCAGATATATTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6745_L1_AOS|1
AGCTGTGCAAAATATCCCTTACTGCAAATGTTATGCAATACATACACACCATGAATCCAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6738_L1_AOS|1
ATATTTTCAGCTGTGCAAAATATCCCTTACTGCAAATGTTATGCAATACATACACACCATG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6437_L1_AOS|1
AGATTTGTATTTTAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCACTGCAAACCTCAGCTTTTTTTTCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5754_L1_AOS|1
CATCCTTACTTTTCCATTCCCTAATCCCTCCAACACTAAAAAGGTGTTAGTGCCCAAGGTG
>HPV11_Alpha_333026_nt7176_L1_AOS|2
GATATCGAGGACGGACGTCTGCTCGTACAGGTATAAAGCGCCCAGCTGTGTCTAAGCCCT
>HPV11_Alpha_333026_nt7193_L1_AOS|1
TCTGCTCGTACAGGTATAAAGCGCCCAGCTGTGTCTAAGCCCTCTACAGCCCCCAAACGA
>HPV11_Alpha_333026_nt7186_L1_AOS|1
ACGGACGTCTGCTCGTACAGGTATAAAGCGCCCAGCTGTGTCTAAGCCCTCTACAGCCCC
>HPV11_Alpha_333026_nt6787_L1_AOS|1
GACACTATGTGCATCTGTGTCTAAATCTGTCTACATACTAATTCAGATTATAAGGAATA
>HPV31_Alpha_333048_nt6981_L1_AOS|1
CACGTCCATAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATCTACCACTACACCAG
>HPV31_Alpha_333048_nt6974_L1_AOS|1
TATAGGGCACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATCTACCACT
>HPV31_Alpha_333048_nt6967_L1_AOS|2
GGCAGGATATAGGGCACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATC
>HPV33_Alpha_333049_nt7012_L1_AOS|1
TAAAGCAAAACCTAAACTTAAACGTGCAGCCCCACATCCACCCGCACATCGTCTGCAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6970_L1_AOS|1
GCCGTAAATTTTTGTTACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGC
>HPV35_Alpha_333050_nt6992_L1_AOS|1
AGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATC
>HPV35_Alpha_333050_nt6982_L1_AOS|1
TGTTACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAG
>HPV35_Alpha_333050_nt6963_L1_AOS|1
CCGTTGGGCCGTAAATTTTTGTTACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5966_L1_AOS|1
TCTTAATAAATATGTTGGTAACTCTGGTAACTCTGGTACAGATAACAGGGAATGCATTTT
>HPV35_Alpha_333050_nt5957_L1_AOS|1
TACTGAAAATCTTAATAAATATGTTGGTAACTCTGGTAACTCTGGTACAGATAACAGGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt5714_L1_AOS|1
CCCATACTATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAATAGCAGTACCCAAGGTATCTGG
>HPV47_Beta_333062_nt6949_L1_AOS|1
TACAAATTTTCAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTA
>HPV47_Beta_333062_nt6964_L1_AOS|1
CTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAATTT
>HPV47_Beta_333062_nt6956_L1_AOS|1
TTCAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCA
>HPV42_Alpha_333211_nt6618_L1_AOS|1
CTGGCGCAATTGGTGAACCTGTACCTGATGAACTGTATACCAAGGCTGCTAATAATGCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt7265_L1_AOS|1
CCTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCTTCAGCTAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt6645_L1_AOS|1
ATGAACTGTATACCAAGGCTGCTAATAATGCATCTGGCAGACATAATTTAGGTAGTAGTA
>HPV42_Alpha_333211_nt6638_L1_AOS|1
GTACCTGATGAACTGTATACCAAGGCTGCTAATAATGCATCTGGCAGACATAATTTAGGT
>HPV39_Alpha_333245_nt7078_L1_AOS|2
CTATAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACTTCCTCGTCCTCAGCTACTAAACACA

>HPV39_Alpha_333245_nt7071_L1_AOS|1
CGCCCTACTATAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACTTCCTCGTCCTCAGCTACT
>HPV39_Alpha_333245_nt7063_L1_AOS|1
TCCGCAGGCGCCCTACTATAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACTTCCTCGTCCT
>HPV39_Alpha_333245_nt6856_L1_AOS|1
CTGTAGCTCCTCCACCATCTGCCAGTTTGGTAGACACTTACAGATACCTACAGTCTGCAG
>HPV39_Alpha_333245_nt6658_L1_AOS|2
CCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCCTTCTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6455_L1_AOS|1
TGCCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTGTATACTG
>HPV39_Alpha_333245_nt6448_L1_AOS|2
CCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTG
>HPV39_Alpha_333245_nt6441_L1_AOS|2
GGTGACGCCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAAACCCCGGT
>HPV39_Alpha_333245_nt6433_L1_AOS|1
GTATGGTGGGTGACGCCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6426_L1_AOS|1
CGTGGTGGTATGGTGGGTGACGCCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATA
>HPV93_Beta_37089393_nt7102_L1_AOS|1
ATCAGGCAAATCTTGTACAATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGAGGAACTA
>HPV93_Beta_37089393_nt6942_L1_AOS|1
ACTTATCGATATATTAATAGTTTGTAGCTACACCATGTCCCGATAAGGTTCCACCAAAGGAA
>HPV93_Beta_37089393_nt6935_L1_AOS|2
ACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTTGTAGCTACACCATGTCCCGATAAGGTTCCACC
>HPV93_Beta_37089393_nt6928_L1_AOS|1
ATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTTGTAGCTACACCATGTCCCGATAAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6921_L1_AOS|2
CCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTTGTAGCTACACCATGTCCC
>HPV93_Beta_37089393_nt6158_L1_AOS|1
TGCACCTAAATGTGATGGAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATACAATTAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6151_L1_AOS|1
GGGATGTTGCACCTAAATGTGATGGAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATAC
>HPV12_Beta_396910_nt6897_L1_AOS|1
ACCAATTTTCTAGTATATCTATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTAT
>HPV12_Beta_396910_nt6373_L1_AOS|1
ATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGTTGCCCTCCCATAGAGTTAAAGAACACTTTCATTGAAG
>HPV14D_Beta_396918_nt6445_L1_AOS|1
TAGCCTAAAGAATGTTTATTACATTCCACCAATGACAAATCAACCACAAAACAATATTGG
>HPV14D_Beta_396918_nt6672_L1_AOS|1
GTATATCAGTTAGTTCAGAAAACACTGAGGTATCCAAAATTGACAATTATACCTCTCAGA
>HPV14D_Beta_396918_nt6458_L1_AOS|1
GTTTATTACATTCCACCAATGACAAATCAACCACAAAACAATATTGGCAATGCCATGTAT
>HPV14D_Beta_396918_nt5997_L1_AOS|1
ATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGACAAAATGTGTCATTTG
>HPV14D_Beta_396918_nt5982_L1_AOS|1
TTGGTGATACAGAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGAC
>HPV15_Beta_396924_nt6558_L1_AOS|1
CCAGCACAATCAACCCAACAACAAAATAACTTAGCAAATTCTACTTACTTTCCACAGTT
>HPV15_Beta_396924_nt6547_L1_AOS|1
ATTTTTTATTACCAGCACAAATCAACCCAACAACAAAATAACTTAGCAAATTCTACTTACT
>HPV17_Beta_396932_nt6751_L1_AOS|1
TAGCTGACAACACTAGGAACACAAATTTTTCTATTAGCGTGTCTACAGAAGCTGGGGCTG
>HPV17_Beta_396932_nt6581_L1_AOS|2
AGCTCAAACTGGCCAACAACAGCGCACTTTGGGTAATTCCACTTATTTTCCAACTGTAAG
>HPV17_Beta_396932_nt6574_L1_AOS|1

ATTTACCAGCTCAAACCTGGCCAACAACAGCGCACTTTGGGTAATTCCACTTATTTTCCAA
>HPV17_Beta_396932_nt6565_L1_AOS|1
ACAAATTTTATTTACCAGCTCAAACCTGGCCAACAACAGCGCACTTTGGGTAATTCCACTT
>HPV17_Beta_396932_nt6558_L1_AOS|1
CAGGATCACAAATTTTATTTACCAGCTCAAACCTGGCCAACAACAGCGCACTTTGGGTAAT
>HPV17_Beta_396932_nt6070_L1_AOS|1
TAGGCACTACAGGACATCCCTTGTTTAATAAGTTAAGAGACACTGAAAATAACAGTAGCT
>HPV19_Beta_396940_nt6704_L1_AOS|2
AAAAATACATACTACATACCTCCTAACAAATAGTCAGCAACAATATACTAATTTAGGAAAT
>HPV25_Beta_396948_nt7158_L1_AOS|1
GTTCTGACACCGGACAATTCTATTTCAGGATACTTATCGCTACATTGATTCTTTAGCCACA
>HPV25_Beta_396948_nt7147_L1_AOS|1
AATTAGGATTCGTTCTGACACCGGACAATTCTATTTCAGGATACTTATCGCTACATTGATT
>HPV25_Beta_396948_nt7061_L1_AOS|2
AATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCTCAGATTAATGCAAT
>HPV25_Beta_396948_nt7054_L1_AOS|2
TATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCTCAGATTA
>HPV25_Beta_396948_nt7047_L1_AOS|1
TATGAGTTATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCT
>HPV25_Beta_396948_nt6737_L1_AOS|1
TGCATTTTACATACCACCTAACAGTAGTCAGGCTCAATATAATAATCTAGGTAACCTCAAT
>HPV27_Alpha_396964_nt5524_L1_AOS|1
CTGCCTCCTCTGCATCTACACTGCGAGGGTCCACTACAGCCCCCTCTCTCGGGTGGTGTG
>HPV27_Alpha_396964_nt5669_L1_AOS|1
ATCCTCTGTTTACATATTTGGGGGGGATTATTATTTACTGCCAAGTTATATCCTGTGGCC
>HPV27_Alpha_396964_nt5641_L1_AOS|1
CCCTCATTCCTGTGGCTCCATCGTTGCCATCCTCTGTTTACATATTTGGGGGGGATTATT
>HPV27_Alpha_396964_nt5632_L1_AOS|1
GTTTGGGGCCCCCTCATTCCTGTGGCTCCATCGTTGCCATCCTCTGTTTACATATTTGGGG
>HPV27_Alpha_396964_nt5624_L1_AOS|1
TGTTCTCGGTTTGGGGCCCCCTCATTCCTGTGGCTCCATCGTTGCCATCCTCTGTTTACAT
>HPV27_Alpha_396964_nt5608_L1_AOS|1
ATATTGAACCACCCGTTGTTCTGTTTGGGGCCCCCTCATTCCTGTGGCTCCATCGTTGC
>HPV27_Alpha_396964_nt5595_L1_AOS|1
TATACTGGGCCTGATATTGAACCACCCGTTGTTCTGTTTGGGGCCCCCTCATTCCTGTG
>HPV27_Alpha_396964_nt5581_L1_AOS|1
TTGATGTGCCTGTGTATACTGGGCCTGATATTGAACCACCCGTTGTTCTGTTTGGGGC
>HPV27_Alpha_396964_nt5560_L1_AOS|1
CAGCCCCCTCTCTCGGGTGGTGTGATGTGCCTGTGTATACTGGGCCTGATATTGAACCAC
>HPV27_Alpha_396964_nt5510_L1_AOS|1
TAATACCACGGTATCTGCCTCCTCTGCATCTACACTGCGAGGGTCCACTACAGCCCCCTCT
>HPV30_Alpha_396973_nt7098_L1_AOS|2
AAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCATCAGCCAAACGCAAGCGGCGGTGA
>HPV30_Alpha_396973_nt7090_L1_AOS|1
CTACTAAAAAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCATCAGCCAAACGCAAGC
>HPV30_Alpha_396973_nt7082_L1_AOS|1
TTCTACTACTACTAAAAAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCATCAGCCAA
>HPV30_Alpha_396973_nt7075_L1_AOS|1
CTAAACCTTCTACTACTACTAAAAAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCAT
>HPV30_Alpha_396973_nt7066_L1_AOS|1
GGGTTCTGTACTAAACCTTCTACTACTACTAAAAAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCT
>HPV30_Alpha_396973_nt6841_L1_AOS|1
TACTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTACCCCCAGCTGCCACAAGCTTAGAGGACAAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt6833_L1_AOS|1
CTCCACTTTACTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTACCCCCAGCTGCCACAAGCTTAGA

>HPV30_Alpha_396973_nt6826_L1_AOS|2
CTATGAACTCCACTTTACTTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTCACCCCCAGCTGCCACAA
>HPV30_Alpha_396973_nt6819_L1_AOS|1
TTACATACTATGAACTCCACTTTACTTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTCACCCCCAGCT
>HPV30_Alpha_396973_nt6655_L1_AOS|1
ACACCACTAGGAACACAAACATGACTATATCTGCAACCACACAAACGTTATCCACATATA
>HPV3_Alpha_397005_nt7029_L1_AOS|1
ATTACCTGCCAGAAAGATGCACCTCCCACTGAGAAGCAAGACCCCTACGCCAAACTAAAC
>HPV3_Alpha_397005_nt7178_L1_AOS|1
TACCCGCTCTAGTATATCTGTTTCGTAAACGCTCGGCGACAACCACATCTAGAACAGCTGC
>HPV3_Alpha_397005_nt7154_L1_AOS|1
ATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAGGTACCCGCTCTAGTATATCTGTTTCGTAAACGCTCGGC
>HPV3_Alpha_397005_nt7147_L1_AOS|1
GCAGGAAATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAGGTACCCGCTCTAGTATATCTGTTTCGTAAAC
>HPV3_Alpha_397005_nt6772_L1_AOS|1
GTACTAATATGACATTGTGTGTTTCTACTGAAACCTCGGCTACATATGATGCTACTAAAT
>HPV3_Alpha_397005_nt6523_L1_AOS|1
ATTTTCTTAACAGAGCTGGTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAAAG
>HPV40_Alpha_397014_nt6569_L1_AOS|2
CTACTGGTGATAGTGTCCCAACTGACTTATATATAACAGGTACATCTGGTCGGACTCCTA
>HPV45_Alpha_397022_nt7077_L1_AOS|1
TGCTGCTTCCACGTCTACTGCATCTACTGCATCTAGGCCTGCCAAACGTGTACGTATACG
>HPV45_Alpha_397022_nt7089_L1_AOS|1
GTCTACTGCATCTACTGCATCTAGGCCTGCCAAACGTGTACGTATACGTAGTAAGAAATA
>HPV45_Alpha_397022_nt7070_L1_AOS|1
AGCGTCTTGCTGCTTCCACGTCTACTGCATCTACTGCATCTAGGCCTGCCAAACGTGTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6462_L1_AOS|1
GTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCCACTGTACAAAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt6455_L1_AOS|1
TGACCCTGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCCACTGT
>HPV52_Alpha_397038_nt6448_L1_AOS|1
CCTTAGGTGACCCTGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTG
>HPV52_Alpha_397038_nt6441_L1_AOS|1
GCCGGTACCTTAGGTGACCCTGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGC
>HPV56_Alpha_397053_nt6120_L1_AOS|1
AGTCCACACAAGTTACCACAGGGGACTGCCCGCCTCTTGCAATTAATTAACACCTATAG
>HPV56_Alpha_397053_nt7010_L1_AOS|1
ACTAGGTCAAAGCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCCTACCTCCACCTCT
>HPV56_Alpha_397053_nt7002_L1_AOS|2
AACTGGGCACTAGGTCAAAGCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCCTACCT
>HPV56_Alpha_397053_nt6626_L1_AOS|1
AGTACTGCTACAGAACAGTTAAGTAAATATGATGCACGAAAAATTAATCAGTACCTTAGA
>HPV56_Alpha_397053_nt6409_L1_AOS|1
TGCAGAGTTATATTTAAAGGGTAGCAATGGTAGAGAACCCCTCCGAGTTCTGTATATGT
>HPV56_Alpha_397053_nt6387_L1_AOS|2
GTAAAGTTGGGGAAACAATACCTGCAGAGTTATATTTAAAGGGTAGCAATGGTAGAGAAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6108_L1_AOS|1
GTGCTGTGTGTAAGTCCACACAAGTTACCACAGGGGACTGCCCCGCTCTTGCAATTAATTA
>HPV56_Alpha_397053_nt5509_L1_AOS|1
GTATATATACAGGGATCCTCCTTTGCATTATGGCCTGTGTATTTTTTTTAGACGTAGGCGC
>HPV56_Alpha_397053_nt5502_L1_AOS|1
CCATGATGTATATATACAGGGATCCTCCTTTGCATTATGGCCTGTGTATTTTTTTTAGACG
>HPV56_Alpha_397053_nt5495_L1_AOS|1
ATGTTACCCATGATGTATATATACAGGGATCCTCCTTTGCATTATGGCCTGTGTATTTTT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6590_L1_AOS|1

ACTGACCTGTATATGAAAGGTACCCCAGGCAGTGACAGACAAATGCCGGGCAGTTACATT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6583_L1_AOS|1
CCTGCCCCTGACCTGTATATGAAAGGTACCCCAGGCAGTGACAGACAAATGCCGGGCAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6971_L1_AOS|1
GTCCCCACCTGCCCTCTGCTTCTTTGGAAGATACTTATCGCTTTTTGTCTAACAAGGCCAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6541_L1_AOS|2
CTGGTAAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt6384_L1_AOS|2
CTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTTGGAGTTTAAAAATACAACCATTC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6359_L1_AOS|2
CACTGGGCCCCGGGTACCTTTTGTGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6821_L1_AOS|1
TAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAACAGGCACAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6812_L1_AOS|1
AGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAACAGGCACAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6650_L1_AOS|1
AATACAGATTCAATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAATCCACCAGCAGAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6232_L1_AOS|1
AACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGTTCTCTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6224_L1_AOS|1
CTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6217_L1_AOS|1
ATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6210_L1_AOS|1
TTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6203_L1_AOS|1
AGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6196_L1_AOS|1
GAAGTGAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGC
>HPV94_Alpha_40804528_nt6559_L1_AOS|1
AGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCTGACACTCTAATATTGAAGTCGGCCGGTGGT
>HPV94_Alpha_40804528_nt6552_L1_AOS|1
TTTCAATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCTGACACTCTAATATTGAAGTCGGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5995_L1_AOS|2
CAGAAAATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGACACTAGAGATAATGTGTCAG
>HPV96_Beta_50253426_nt7334_L1_AOS|1
AGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTACAAAACGAAAACGACGCTG
>HPV96_Beta_50253426_nt7326_L1_AOS|1
GTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTACAAAACGAAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt7319_L1_AOS|1
CAAAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTACAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt7312_L1_AOS|1
TGCAAAACAAAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt7303_L1_AOS|1
AAGCCAACCTGCAAAACAAAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6751_L1_AOS|2
GTTCCATTTACTCTCCACAGTCAGTGGATCTTTAGTTTCTACAGATGCACAGATTTTCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6714_L1_AOS|1
AAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCCATTTACTCTCCACAGTC
>HPV96_Beta_50253426_nt6707_L1_AOS|1
TTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCCATTTACTCTCC
>HPV96_Beta_50253426_nt6700_L1_AOS|1
ACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCCATTT
>HPV96_Beta_50253426_nt6693_L1_AOS|1
GAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGT

>HPV83_Alpha_5059324_nt6567_L1_AOS|2
TATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTATGCTCCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6560_L1_AOS|1
CTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6553_L1_AOS|1
TGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6546_L1_AOS|1
GAGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTT
>HPV59_Alpha_557236_nt7071_L1_AOS|2
CTGCCCCCTACCTCTACCCCATCACCAAAACGTGTTAAGCGTCGCAAGTCTTCCAGAAAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt7064_L1_AOS|1
GCAGCGCCTGCCCCCTACCTCTACCCCATCACCAAAACGTGTTAAGCGTCGCAAGTCTTCC
>HPV59_Alpha_557236_nt7057_L1_AOS|1
CAAACGTGCAGCGCCTGCCCCCTACCTCTACCCCATCACCAAAACGTGTTAAGCGTCGCAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6901_L1_AOS|3
CACCGCACCGCCAGTTAAACAGGACCCTTATGACAAACTAAAGTTTTGGCCTGTAGATCT
>HPV59_Alpha_557236_nt6643_L1_AOS|1
TTCTACTACTTCTTCTATTCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTAAAGAATATGCCAG
>HPV59_Alpha_557236_nt6634_L1_AOS|1
TGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTAAAGA
>HPV59_Alpha_557236_nt6627_L1_AOS|1
ATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCTAATGTATACACACCTACCAGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt6620_L1_AOS|1
AGCACCAATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCTAATGTATACACACCT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7207_L1_AOS|1
CCTCTATTTCGTACCGGTGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCCAAAGCCTCTGCTGCCCTAAAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7232_L1_AOS|1
CCCTGCTGTTTCCAAAGCCTCTGCTGCCCTAAACGTAAGCGCGCCAAAACCAAAGGTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt7223_L1_AOS|1
TGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCCAAAGCCTCTGCTGCCCTAAACGTAAGCGCGCCAAAAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7216_L1_AOS|1
GTACCGGTGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCCAAAGCCTCTGCTGCCCTAAACGTAAGCGCG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7200_L1_AOS|1
GGACGGTCCCTCTATTTCGTACCGGTGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCCAAAGCCTCTGCTGCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7193_L1_AOS|1
ATATAGGGGACGGTCCCTCTATTTCGTACCGGTGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCCAAAGCCTC
>HPV57_Alpha_60882_nt6984_L1_AOS|1
ACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGATAACATGTCAGAAGCCCACACCCCCTAAGACC
>HPV57_Alpha_60882_nt6977_L1_AOS|1
GCAGGACACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGATAACATGTCAGAAGCCCACACCCCC
>HPV57_Alpha_60882_nt6970_L1_AOS|1
CCAGCCTGCAGGACACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGATAACATGTCAGAAGCCCA
>HPV57_Alpha_60882_nt6952_L1_AOS|1
TCCCCCACCCTCGTCCGCGAGCCTGCAGGACACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGA
>HPV57_Alpha_60882_nt6540_L1_AOS|1
ATGGGTGACGCCCTCCCGGATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCGGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6370_L1_AOS|1
TTGCGCTCTACAGTCCAACAAATCAGATGTCCCCTTGATATCTGTACTAACATATGTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6371_L1_AOS|2
TAAAGGCGCTGGTCAAGGTGCTGAACCTCCAACCTTCTATATACTCACGTACGCCTAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6610_L1_AOS|1
CTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTACTCCAGCAAACCTTTAAGCAGTACATTAGGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6589_L1_AOS|1
CCAATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTACTCCAGCAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6341_L1_AOS|3

GCATTACTATAATAAGGCTGGTGTGGTTGGTGATGCCATTCCAGACAAGGCTTATATTAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6284_L1_AOS|1
TGGTAGGGGACACTATTCCCACTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGTGAAACTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6512_L1_AOS|1
TTACATTGTCCACTACTACAGACTCTACTGTACCAGCTGTGTATGATTCTAATAAATTTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6277_L1_AOS|1
GGAGGCATGGTAGGGGACACTATTCCCACTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6956_L1_AOS|1
CCCCGTCTGCCCCCTACTACTTCCAAACCTGCTAAGCGTTTACGTGTCCGTCGTAAAAAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6530_L1_AOS|1
CTTCTACACAAAATGGCGTAGCTACCACATATGACCCTACAAAATATAAACAGTATAGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6522_L1_AOS|1
ACTGTGTGCTTCTACACAAAATGGCGTAGCTACCACATATGACCCTACAAAATATAAACA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6586_L1_AOS|1
GGGGAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCGCGCCTCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5690_L1_AOS|1
CGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACATATTATTTATTGCCCTCATATGTGTTGCTTCCTAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5678_L1_AOS|1
TCACCCACAGGCGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACATATTATTTATTGCCCTCATATGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5671_L1_AOS|1
CTCCTGGTCACCCACAGGCGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACATATTATTTATTGCCCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5664_L1_AOS|2
CCTACCCCTCCTGGTCACCCACAGGCGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACATATTATTTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt5656_L1_AOS|1
CCGTGCCCCCTACCCCTCCTGGTCACCCACAGGCGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5620_L1_AOS|1
CTGACAGTGCTCTTCCCGATTCCCACTGCTTGGCCCGTGCCCCCTACCCCTCCTGGTC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5613_L1_AOS|1
AGTGGCCCTGACAGTGCTCTTCCCGATTCCCACTGCTTGGCCCGTGCCCCCTACCCCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5605_L1_AOS|1
CTGTTTTTAGTGCCCTGACAGTGCTCTTCCCGATTCCCACTGCTTGGCCCGTGCCCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5682_L1_AOS|1
GTTCCCTTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTATTGCCTAATTACTTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5673_L1_AOS|1
TCCTCTAATGTTCCCTTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTATTGCCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5525_L1_AOS|1
ATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAGTACC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5518_L1_AOS|2
CTTTGCAATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5511_L1_AOS|1
TCTGTTCCCTTTGCAATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5493_L1_AOS|2
TCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTTTGCAATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5482_L1_AOS|1
CTCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTTTGCAATCTACAAATATTTTCAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5475_L1_AOS|1
TTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTTTGCAATCTACAAAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5447_L1_AOS|1
TTATGCTGATAATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt5868_L1_AOS|1
GCAGTGGGAAATCCTTATTTTCTATTAAAGAAACAAAACAAACTGTTGTCCCTAAGGTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7147_L1_AOS|2
TTCAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7140_L1_AOS|1
ACAGGCGTTCAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCT

>HPV13_Alpha_85827580_nt7133_L1_AOS|1
ATTACAAACAGGCGTTCAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6758_L1_AOS|1
TGCAGCCACTACATCATCTCTTTCAGACACATATAAGGCCACAGAATATAAACAGTACAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6751_L1_AOS|1
CTGTGTGTGCAGCCACTACATCATCTCTTTCAGACACATATAAGGCCACAGAATATAAAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6508_L1_AOS|1
ATTTCTTTAACAGGGCAGGCTCTGTTGGTGAACCTAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGG
>HPV2_Alpha_9626032_nt7210_L1_AOS|1
GCAAGCGCGCCGCTGTTTCGGGGACCACGCCGCCACTAGTAAACGAAAACGGGTAAGGC
>HPV2_Alpha_9626032_nt6787_L1_AOS|1
GTAGCACTAATGTATCTCTGTGTGCCACTGAGGCGTCTGATACTAATTATAAGGCTACCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6790_L1_AOS|1
TGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACTGTCCATTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6775_L1_AOS|1
AGACTGGCATTTAGCTGTCACTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6768_L1_AOS|1
TTATTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATT
>HPV41_Nu_9626041_nt6662_L1_AOS|1
TTTTTAAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6287_L1_AOS|1
TATGGAGACCACATGTTTTTCTATGTGCGCGTGAAGCTCTGTATGCTAGGCATATAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt5779_L1_AOS|1
TCCCAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTTTAACCCTGACAAGGAGCGTCTGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5772_L1_AOS|1
TCCCAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTTTAACCCTGACAAGGAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5694_L1_AOS|1
ACAATATTACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCCTAAAGTTTCTCTAATCAGTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6713_L1_AOS|2
AATGTCCAGAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAAATTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6706_L1_AOS|1
GCAGCAAAATGTCCAGAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6233_L1_AOS|1
AGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6226_L1_AOS|1
GGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6219_L1_AOS|1
TTCCGTGGGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACC
>HPV1_Mu_9626063_nt6203_L1_AOS|2
TTTTTACTCGCGGGGTTCGGTGGGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5440_L1_AOS|1
TGGTTACCAGCGCAGAATAAGTTCTATCTTCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt6649_L1_AOS|1
CTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACCAAATTTAAGCAGTATAGCA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5455_L1_AOS|1
TATTACATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGTATCACCCACGGCCCCCTGCCTC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5448_L1_AOS|1
GTCCTGATATTACATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGTATCACCCACGGCCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5441_L1_AOS|2
TACACGGGTCTGATATTACATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGTATCACCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5434_L1_AOS|1
GCCTGTATACACGGGTCTGATATTACATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6396_L1_AOS|1
TTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6420_L1_AOS|2

GTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGTACCTCAGACATATAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6413_L1_AOS|1
TCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGTACCTCAGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6406_L1_AOS|1
TGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6200_L1_AOS|2
GCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6567_L1_AOS|1
GGATCCAACAATTATCGATTCCCTGGCAGTTAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAAATGCTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6560_L1_AOS|1
ATAATATGGATCCAACAATTATCGATTCCCTGGCAGTTAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6425_L1_AOS|1
TTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATACTCGCCATG
>HPV63_Mu_9626605_nt6417_L1_AOS|1
AAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6410_L1_AOS|1
TGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATG
>HPV63_Mu_9626605_nt6403_L1_AOS|1
ACCACGATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6396_L1_AOS|1
CAGAGGAACCACGATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6206_L1_AOS|2
ATATTGCTGCTAAAGCCGAGCAACCCCAAAATACTATTGCTACAGATAATTATTTTGTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6169_L1_AOS|1
ATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATTGCTGCTAAAGCCGAGCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6162_L1_AOS|1
TGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATTGCTGCTAAAGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7066_L1_AOS|1
AACCAAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7059_L1_AOS|1
AAGGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6455_L1_AOS|1
CGATTTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCAAATTATTTTCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6448_L1_AOS|1
TACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCAAATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6441_L1_AOS|2
GAAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6434_L1_AOS|2
TGTTGGTGAAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTT
>HPV5_Beta_9627145_nt6972_L1_AOS|2
TAATTTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAA
>HPV5_Beta_9627145_nt6989_L1_AOS|1
TATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCAATTTAGAG
>HPV5_Beta_9627145_nt6981_L1_AOS|2
TATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCA
>HPV5_Beta_9627145_nt6965_L1_AOS|1
GAAATACTAATTTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAG
>HPV5_Beta_9627145_nt6740_L1_AOS|1
AAATTGACAATGGTACATACAAAATCAGTTTTTACATTCCAGGGGCTGATGGCCAAGCTC
>HPV5_Beta_9627145_nt6731_L1_AOS|1
CACGTGCACAAATTGACAATGGTACATACAAAATCAGTTTTTACATTCCAGGGGCTGATG
>HPV5_Beta_9627145_nt6533_L1_AOS|1
GGAACATGAATTTTAAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGATGTCAGTTTACATCGTCA
>HPV5_Beta_9627145_nt6520_L1_AOS|1
GACATAGGTTTTGGGAACATGAATTTTAAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGATGTCAGT

>HPV5_Beta_9627145_nt6513_L1_AOS|1
TATGGCAGACATAGGTTTTGGGAACATGAATTTTAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGA
>HPV5_Beta_9627145_nt6057_L1_AOS|1
TCATCCTTATTTC AATGTATACAATATTAATGGTGATAAGCTTGAGGTCCTAAGGTTTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6112_L1_AOS|1
AAATACACAGACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAATTAATTTCCAGCATTATTGA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6673_L1_AOS|1
GTTCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGGCAGAAATAATTTAGCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7323_L1_AOS|1
AACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTTCTCCTGCAAAACGCAGAAAAACACGTAAATA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7316_L1_AOS|1
TAAACGAACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTTCTCCTGCAAAACGCAGAAAAACAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7309_L1_AOS|1
ACAGCAGTAAACGAACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTTCTCCTGCAAAACGCAGA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7302_L1_AOS|2
TAAACTTACAGCAGTAAACGAACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTTCTCCTGCAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6656_L1_AOS|1
GAACCCTTGGTGAACCTGTTCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6019_L1_AOS|1
GCACACCATGTGGTACCCAAAATGCTGGGGAATGTCCTCCGCTTGAATTAAAGAACACCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6930_L1_AOS|1
GCCCCCTAGGTTACAGGCCTCTAAACGGTCTGCACCTTCATCATCTAGTACAGCACCT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6526_L1_AOS|1
CAGTTTGTGTAGGTACACAATCCACAAGTACAAGTGCACCATATGCAAAACAGTAATTTTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6519_L1_AOS|1
AACTTTTTCAGTTTGTGTAGGTACACAATCCACAAGTACAAGTGCACCATATGCAAAACAGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6512_L1_AOS|1
AAGCACAACTTTTTCAGTTTGTGTAGGTACACAATCCACAAGTACAAGTGCACCATATGC
>HPV49_Beta_9627363_nt7264_L1_AOS|1
TACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAGCTTCCACACGGGGTATTA
>HPV49_Beta_9627363_nt6871_L1_AOS|1
TTAGTGTAAGTACGGATGGCCAGACACCTACAGAATATGACAGTACCAAGGTTAGAGAAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6657_L1_AOS|1
TACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAATACTCTTGGCAGCTCCATCTATTTTC
>HPV53_Alpha_9627377_nt7072_L1_AOS|1
CTAAACCGCCTGTATCCTCTAAAAACGCTCTGCTTCTACTACATCTACCTCAGCCCCCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6169_L1_AOS|1
TGAAGATGTGGAAACTCGTCTGTATATGGAACAGTACCTGGTCAGGACAGCAGAGAAAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6833_L1_AOS|1
ACACAATCGCCACACCAACACCATATGACAATAGTAAGTTTAAAGAATATTTACGTCAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6594_L1_AOS|1
GAGACAGTGTCCAAATGATTTATATATAACAGGTTTCATCTAATCGCGCTTCTATTGCAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt6587_L1_AOS|1
ACTACTGGAGACAGTGTCCAAATGATTTATATATAACAGGTTTCATCTAATCGCGCTTCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6162_L1_AOS|1
ATAAAGATGAAGATGTGGAAACTCGTCTGTATATGGAACAGTACCTGGTCAGGACAGCA
>HPV9_Beta_9627396_nt6611_L1_AOS|1
TGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACAGTAAGTGGGTCATT
>HPV9_Beta_9627396_nt6886_L1_AOS|1
ATCAGATTTCAATTAATCTTACAGTTGTGTAAAGTGCCTTTAGTAGCTGAAGTATTATCCC
>HPV9_Beta_9627396_nt6604_L1_AOS|1
CAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACAGTAAGTG
>HPV9_Beta_9627396_nt6597_L1_AOS|1
TTGCCAGCAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACA
>HPV9_Beta_9627396_nt6590_L1_AOS|1

TTTCTTTTGGCCAGCAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCACCTACTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6574_L1_AOS|1
TAAACCAGGATCATAATTTCTTTTGGCCAGCAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6631_L1_AOS|1
GCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTAGGGAGTATATTAGACAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7047_L1_AOS|1
GCGTGCAGCCCCCTTCCTCCTCTAAGGGTACAGCGCGCAAGCGTGCTAAAACTAAAAGGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7004_L1_AOS|1
TACAGGCTGGCCTACGTGCACGTCCGCGCCTTCGGCCTGTAAAGCGTGTCAGCCCCCTTCCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6623_L1_AOS|1
CATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTAGGGAGTATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6616_L1_AOS|1
AACCTAACATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTAGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6420_L1_AOS|1
TGACTTATACATTAAGAAATCCTCAGGTAACCTTGACAGTTCTATTTATGCTGCAACTCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6249_L1_AOS|1
TGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTCAGTAATTCAAGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6800_L1_AOS|1
AAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAAATTTAGGGAATATCAGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6785_L1_AOS|1
TAAGTGTATACACTGAAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6242_L1_AOS|1
GTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTCAGTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6235_L1_AOS|1
GAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6228_L1_AOS|1
AGTAGCTGAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6221_L1_AOS|1
ATTGGGAAGTAGCTGAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6558_L1_AOS|1
CCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6653_L1_AOS|1
AACTGGTTTGTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6550_L1_AOS|1
ACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6543_L1_AOS|1
GAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6535_L1_AOS|1
CTGAACCAGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6507_L1_AOS|2
AAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAACCAGAAGAAGACACAGATCCATACAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6498_L1_AOS|1
AGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAACCAGAAGAAGACACAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6026_L1_AOS|1
TTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6018_L1_AOS|1
GGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5981_L1_AOS|2
AGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6294_L1_AOS|1
AGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTTCTTATATGTACTCAAAGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6689_L1_AOS|1
TTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6325_L1_AOS|1
TGTAGCAAGTTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAATCAGTACAGCCGTCATACTGA

>HPV50_Gamma_9628550_nt6318_L1_AOS|1
CTTTAAATGTAGCAAGTTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAATCAGTACAGCCGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6311_L1_AOS|2
TTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAATCAGTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6287_L1_AOS|1
AGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTTCTTATATGTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6051_L1_AOS|2
CAGGAGTTTATAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5860_L1_AOS|1
TAAACTACAACAGGACAGAGCAGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGATTCAATCAGCTTATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5853_L1_AOS|1
ACTTTCCTAAACTACAACAGGACAGAGCAGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGATTCAATCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5734_L1_AOS|1
GGATTTAGCAGAACCTTGTGACAAAAACAGCTTAAATAATGGCAAGTGTCCCTCCAATACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6762_L1_AOS|1
GACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTATCCCAGTTTTCTCTTGGA AAAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6226_L1_AOS|1
TATTACTTAGCACCACAAACTGATAAACCTCAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6218_L1_AOS|1
ATTCTGGATATTACTTAGCACCACAAACTGATAAACCTCAAATAACCTTGGTGGTTATA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6569_L1_AOS|1
GTGAGGCACTGCCTGACTCTTATTATCTTAAGGGTGCGAATGACAAGGCGGCCCTGGTA
>HPV8_Beta_333074_nt6932_L1_AOS_rc|1
GTCTCAGATATTCTCTGAACTGGGTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCCCAT
>HPV8_Beta_333074_nt6473_L1_AOS_rc|1
ATATCTCATTTACTATGTCGAGACTTACATCAGATCTGTTCTGTTGTAAAGTCTTAAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6360_L1_AOS_rc|1
TTTAGTTCAATGGGTGGGCACAGACCTTGCTGTTGGTCCTCTGCACATGGAATGGCTTTT
>HPV51_Alpha_333087_nt6559_L1_AOS_rc|1
ATGCCTAATATATTGCTTAAAGTTACTTGGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGC
>HPV51_Alpha_333087_nt6048_L1_AOS_rc|1
TCCTGAATGACAGAGGATACAAGTTCCAGGGGGGGCAGTCTCCTGGAGGTACAGGTGTG
>HPV51_Alpha_333087_nt6041_L1_AOS_rc|1
TGACAGAGGATACAAGTTCCAGGGGGGGCAGTCTCCTGGAGGTACAGGTGTGTTTTTGC
>HPV20_Beta_1020162_nt6739_L1_AOS_rc|1
CATTGAATTACCTAGGTTGTTCTGTGCCTGATTATTCACAGGTGGAATGTAGAATGCATT
>HPV20_Beta_1020162_nt6956_L1_AOS_rc|1
TCTGAGAATCATAATTTTGAATTTTAGAAACATCAGTGTTTTCTGAATGAACTGATATGC
>HPV20_Beta_1020162_nt6944_L1_AOS_rc|1
AATTTTGAATTTTAGAAACATCAGTGTTTTCTGAATGAACTGATATGCTAAAATTTGTAT
>HPV20_Beta_1020162_nt6936_L1_AOS_rc|1
ATTTTAGAAACATCAGTGTTTTCTGAATGAACTGATATGCTAAAATTTGTATTTTCGAGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt7135_L1_AOS_rc|2
TTAAGAGGTAAGTTTCCTTCGTTTTACAGTTTTAGACGTTTTCCGCGTAGCAGAACGTTT
>HPV22_Beta_1020178_nt7128_L1_AOS_rc|1
GTAAGTTTCCTTCGTTTTACAGTTTTAGACGTTTTCCGCGTAGCAGAACGTTTCACACTG
>HPV22_Beta_1020178_nt7121_L1_AOS_rc|1
TCCTTCGTTTTACAGTTTTAGACGTTTTCCGCGTAGCAGAACGTTTCACACTGACCCTGG
>HPV22_Beta_1020178_nt7114_L1_AOS_rc|1
TTTTACAGTTTTAGACGTTTTCCGCGTAGCAGAACGTTTCACACTGACCCTGGCACTGGC
>HPV22_Beta_1020178_nt7107_L1_AOS_rc|2
GTTTTAGACGTTTTCCGCGTAGCAGAACGTTTCACACTGACCCTGGCACTGGCCCTTGCA
>HPV23_Beta_1020186_nt7100_L1_AOS_rc|2
TTTGACAGTTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACCGTACACGCTG
>HPV23_Beta_1020186_nt7120_L1_AOS_rc|2

TACAATTGCACTTTTTTCCTTTTGACAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt7113_L1_AOS_rc|1
GCACTTTTTTCCTTTTGACAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGG
>HPV23_Beta_1020186_nt7093_L1_AOS_rc|1
GTTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACCGTACACGCTGCACTCCA
>HPV23_Beta_1020186_nt7086_L1_AOS_rc|1
TCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACCGTACACGCTGCACTCCAATTTGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6046_L1_AOS_rc|1
AATGAGATATTTCTTCTGTCATCTACAGTACCTTCCTGACGTTCACTAGAATTTTCTGCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt6496_L1_AOS_rc|1
TTCAGGAATGGTGTCCCCAGCAACACCAGCTCTATTAAAAAATGCCGAGCGAAAAGTTG
>HPV28_Alpha_1020202_nt7188_L1_AOS_rc|1
TACTTTTTGGCGCGTTTTCGTTTTGCAGCAGACGATCCTCTCGTGGTGGACGCTGGACGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7181_L1_AOS_rc|1
TGGCGCGTTTTCGTTTTGCAGCAGACGATCCTCTCGTGGTGGACGCTGGACGTTTGC GAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt6503_L1_AOS_rc|1
ACAATGTTTCAGGAATGGTGTCCCCAGCAACACCAGCTCTATTAAAAAATGCCGAGCGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7244_L1_AOS_rc|1
CTTTGCAGGGGTGGGGGCCGTGGTGGTTCGTCGGCGCTTTCTGGAGGGGACTACTGAACG
>HPV29_Alpha_1020210_nt7264_L1_AOS_rc|1
TACTTTTTCGAGCGTTTTTCGCTTTGCAGGGGTGGGGGCCGTGGTGGTTCGTTTCGGCGCTTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt7257_L1_AOS_rc|1
TCGAGCGTTTTTCGCTTTGCAGGGGTGGGGGCCGTGGTGGTTCGTTTCGGCGCTTTCTGGAGG
>HPV29_Alpha_1020210_nt7237_L1_AOS_rc|1
GGGGTGGGGGCCGTGGTGGTTCGTCGGCGCTTTCTGGAGGGGACTACTGAACGCCGGCGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6611_L1_AOS_rc|1
AGGAGTTTCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6604_L1_AOS_rc|1
TCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6597_L1_AOS_rc|1
CGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6588_L1_AOS_rc|2
CCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGATTAAAGAAGT
>HPV36_Beta_1020218_nt6692_L1_AOS_rc|1
AATGAAAACTGATTCTTAAAGTCCCATTTATCAATTCTGGCGTCAGGGATGTCGTCACC
>HPV36_Beta_1020218_nt6701_L1_AOS_rc|1
AGCCCCAGGAATGAAAACTGATTCTTAAAGTCCCATTTATCAATTCTGGCGTCAGGGAT
>HPV37_Beta_1020226_nt7176_L1_AOS_rc|1
GACCGTTTACGCTTTGTACCTTTAGACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTA
>HPV37_Beta_1020226_nt7162_L1_AOS_rc|1
TGTACCTTTAGACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGA
>HPV37_Beta_1020226_nt7155_L1_AOS_rc|1
TTAGACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAG
>HPV37_Beta_1020226_nt7147_L1_AOS_rc|1
TTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTT
>HPV37_Beta_1020226_nt7140_L1_AOS_rc|1
GACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCTCCCT
>HPV37_Beta_1020226_nt6528_L1_AOS_rc|1
TGGTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATATTGTGGTCCTGATTAACAGTGCCATCGGGAATA
>HPV37_Beta_1020226_nt6225_L1_AOS_rc|1
TCAAGTGGTGGACACTGTCCTGTCTGATTATTTTCCTCTGATGCACAACTGGTGCTTTA
>HPV38_Beta_1020234_nt7123_L1_AOS_rc|1
TTTTGCGTTTTACAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTT
>HPV38_Beta_1020234_nt7116_L1_AOS_rc|2
TTTTACAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTTCGTGCTGT

>HPV38_Beta_1020234_nt7109_L1_AOS_rc|1
GATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTCTGCTGTTTGTA
>HPV38_Beta_1020234_nt6918_L1_AOS_rc|1
TGGACATTTAGTTGCTTTAGATGTTATGTAACGATATGTATCGTGACAGAATTGTCTGG
>HPV38_Beta_1020234_nt6911_L1_AOS_rc|2
TTAGTTGCTTTAGATGTTATGTAACGATATGTATCGTGACAGAATTGTCTGGGGTGGGT
>HPV38_Beta_1020234_nt6904_L1_AOS_rc|1
CTTTAGATGTTATGTAACGATATGTATCGTGACAGAATTGTCTGGGGTGGGTACAAAGC
>HPV38_Beta_1020234_nt6480_L1_AOS_rc|1
GCGTTGACCCGTGCCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGGTTGACAGTACC
>HPV38_Beta_1020234_nt6470_L1_AOS_rc|1
TGTCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGGTTGACAGTACCATCTGGAATA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6709_L1_AOS_rc|2
GTTTATATTCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAGCAGCACATATTG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6717_L1_AOS_rc|1
CATGTATTGTTTATATTCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAGCAGC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6702_L1_AOS_rc|1
TTCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAGCAGCACATATTGTCATGTT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6498_L1_AOS_rc|1
AAAGTATATGGCATTAGGAAGTGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6491_L1_AOS_rc|1
ATGGCATTAGGAAGTGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6477_L1_AOS_rc|1
TGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCTCTCCAACCGTTCC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6470_L1_AOS_rc|1
TTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCTCTCCAACCGTTCCCGCCCTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7064_L1_AOS_rc|1
AAGAGGTAGGAGCCGCCGCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7057_L1_AOS_rc|2
AGGAGCCGCCGCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCTAGGGGCC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7050_L1_AOS_rc|1
GCCCCGCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCTAGGGCCTAGTTGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6861_L1_AOS_rc|2
GTAATAGCTGTGCTTTTAATATACCTATATTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6854_L1_AOS_rc|1
CTGTGCTTTTAATATACCTATATTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6847_L1_AOS_rc|2
TTTAATATACCTATATTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCAATATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6381_L1_AOS_rc|2
TCTACACGAGACCGCTTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCCAGTTTGAGATAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6212_L1_AOS_rc|1
CTGCAGCAGGGCAGCGTGTGGCTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6195_L1_AOS_rc|2
GTGGCTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5992_L1_AOS_rc|1
GGTGGCAGCATATTGCTGTGCAACGCCAGCGTCTGACTTAACATTTATTGTAAAATTTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5819_L1_AOS_rc|1
TAGAAACCAAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5809_L1_AOS_rc|1
TGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTTGTCAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5796_L1_AOS_rc|1
GTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTTGTCAGACGCCCCCTGTAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5738_L1_AOS_rc|1
AAATATAGGTGTGCTTAACACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGACAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5724_L1_AOS_rc|1

TTAACACCCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGACACCATCCCTAGCAAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6520_L1_AOS_rc|1
AAACTTGCCCTGCGTCGGCGTTTGGGAAGACCTGGAGGTAGGCCTGGTAGGCGTAGAAGGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6193_L1_AOS_rc|1
GATTCATTAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6186_L1_AOS_rc|1
TAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6179_L1_AOS_rc|1
ATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5813_L1_AOS_rc|1
TTACCCTCAAACCCCTCCTCTGGAACACTGTCACCAACAGTGCCATTATGGGTGAAATAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4975_L1_AOS_rc|1
TCTGCAAAACATTAAAAACCAGACCGTTTGCGCTTGCGTTTGCGTCTGTGACTTGGATGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4968_L1_AOS_rc|1
AACATTAAAAACCAGACCGTTTGCGCTTGCGTTTGCGTCTGTGACTTGGATGCAAATAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4961_L1_AOS_rc|1
AAAACCAGACCGTTTGCGCTTGCGTTTGCGTCTGTGACTTGGATGCAAATAAAATGTATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4954_L1_AOS_rc|1
GACCGTTTGCGCTTGCGTTTGCGTCTGTGACTTGGATGCAAATAAAATGTATCAAATGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4925_L1_AOS_rc|1
ACTTGGATGCAAATAAAATGTATCAAATGCATCAAACCATCCACAACAATAGGAGGTTTC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6356_L1_AOS_rc|1
TAATATATAACTCTGAAGGTATTGTGTCGCCACCATGCCACCTCTATTCCAAAAGTGCC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6854_L1_AOS_rc|1
AATATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAGACTCAACAGTTTTTGGTAGCACAGATGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6847_L1_AOS_rc|1
CATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAGACTCAACAGTTTTTGGTAGCACAGATGGACATATT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6652_L1_AOS_rc|1
GTGTGGATGCATAAAGAGAGCTTGTAGGGGAAGCACGAAAGGTAGAAGGTGAACCTTTAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6363_L1_AOS_rc|1
TGTATAACAGTACTGGCAAGTTCAAGTGGGGGGCAACTACCAGCGGCAGCTGAAGCGCCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6356_L1_AOS_rc|1
CAGTACTGGCAAGTTCAAGTGGGGGGCAACTACCAGCGGCAGCTGAAGCGCCACTGCATG
>HPV107_Beta_126131393_nt7242_L1_AOS_rc|1
TTTCGTTTGCTATGCTTTGCAACCGATTGTGGTGGTCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt7235_L1_AOS_rc|1
TGCTATGCTTTGCAACCGATTGTGGTGGTCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTG
>HPV107_Beta_126131393_nt7228_L1_AOS_rc|1
CTTTGCAACCGATTGTGGTGGTCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt7221_L1_AOS_rc|2
ACCGATTGTGGTGGTCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTGAATAGG
>HPV107_Beta_126131393_nt7214_L1_AOS_rc|1
TGGTGGTCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTGAATAGGAATTTAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6639_L1_AOS_rc|1
ACGGTGGGATAGTAAATAGAATTACCCAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCT
>HPV107_Beta_126131393_nt6617_L1_AOS_rc|1
TACCCAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6610_L1_AOS_rc|1
AGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6603_L1_AOS_rc|2
TGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6596_L1_AOS_rc|1
GTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6476_L1_AOS_rc|1
TGCTAAGGGTTGCCCGGGAGGAGGTCCCCCTTAAGGTAAAAAGACTGAGGCACCTCCTCAC

>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5598_L1_AOS_rc|1
GGCAGTGCTAGGAACACAGGAACAAAGGGCGTGGGGGACGGGGCCATGGAATGATCAAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5614_L1_AOS_rc|1
TATATACAGAAATATGGGGCAGTGCTAGGAACACAGGAACAAAGGGCGTGGGGGACGGGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5607_L1_AOS_rc|1
AGAATATGGGGCAGTGCTAGGAACACAGGAACAAAGGGCGTGGGGGACGGGGCCATGGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5591_L1_AOS_rc|1
CTAGGAACACAGGAACAAAGGGCGTGGGGGACGGGGCCATGGAATGATCAATATCGGGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5584_L1_AOS_rc|1
CCACAGGAACAAAGGGCGTGGGGGACGGGGCCATGGAATGATCAATATCGGGACCTGTAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5577_L1_AOS_rc|1
AACAAAGGGCGTGGGGGACGGGGCCATGGAATGATCAATATCGGGACCTGTATATAGGGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6832_L1_AOS_rc|1
TGTGGCGAAGATACTCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt7247_L1_AOS_rc|1
TACTTTTTGCGCTTTTACGTTTAGTAGGGGCGGGGTCGAGGTAGAGCTTGGTGGGGCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6825_L1_AOS_rc|1
AAGATACTCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGCAGTACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6815_L1_AOS_rc|1
CGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGCAGTACAAATAGTTACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6597_L1_AOS_rc|1
ACTACCAGGTGTCACCCTGTCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6590_L1_AOS_rc|1
GGTGTCACCCTGTCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCTCA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6515_L1_AOS_rc|1
TAAATTAGAGTTGGCATACTGTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6508_L1_AOS_rc|1
AGAGTTGGCATACTGTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAGAAAAATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6010_L1_AOS_rc|1
AGGGGTGTTCTTTAATTCCAGTGGGGGACAATCACCAGTATTAACAGTTTGTGAAGTACA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6699_L1_AOS_rc|1
TAGATATTCATTAACTTAGAGGGTCATATTCAGAGGCCTTCTGGGTAGCGGCACTAAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6493_L1_AOS_rc|1
GGGTGGGTGCATATACATAACTGCTAAGGGATCCTCGGGGGCCTGAGGAGCCCTTTAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6759_L1_AOS_rc|1
TGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGACACGTTTTGTGGGCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6768_L1_AOS_rc|1
TCTTTTTACTGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGACACGTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6752_L1_AOS_rc|1
GAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGACACGTTTTGTGGGCAGCAAACCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6445_L1_AOS_rc|2
GAGCTAAAAATATCAGGCTCCAAAGGAAGCTCTACAAAGCTGGAATATAGCTTCCAATTCGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6173_L1_AOS_rc|1
TCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6166_L1_AOS_rc|1
TAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAAAATTCACAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6158_L1_AOS_rc|1
GATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAAAATTCACAGCATTTGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6150_L1_AOS_rc|1
AGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6143_L1_AOS_rc|1
GGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6132_L1_AOS_rc|1
ATGAGATCCCATTTTAAAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTC
>HPV110_Beta_186461194_nt6515_L1_AOS_rc|1

GTAGAGTTTGCTAGTGTGCGTTGTTGTTGATCTTGCTTTGCTGGCAAGAAATAGTTATGA
>HPV110_Beta_186461194_nt6508_L1_AOS_rc|1
TTGCTAGTGTGCGTTGTTGTTGATCTTGCTTTGCTGGCAAGAAATAGTTATGATTTTGAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6757_L1_AOS_rc|2
GAGATAAACTTCTGGAATAAAGAACTTTACATAGTTGAAGAATCAAAGACAATTGAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6466_L1_AOS_rc|1
GATAATAAATGGAGTTACCCAAAATGTTTTGTTGTTGATTACCCCTGTGCTGGCAGATAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6445_L1_AOS_rc|1
AAATGTTTTGTTGTTGATTACCCCTGTGCTGGCAGATAATAATTGTGATTTTGTGCACTG
>HPV111_Beta_186461202_nt6436_L1_AOS_rc|1
GTTGTTGATTACCCCTGTGCTGGCAGATAATAATTGTGATTTTGTGCACTGCTGCATCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7084_L1_AOS_rc|2
TTATGTCCGTCGTCGTTTTGCAGTACCCCGAGAAACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7075_L1_AOS_rc|1
TCGTCGTTTTGCAGTACCCCGAGAAACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTTGACCCTGGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7068_L1_AOS_rc|1
TTTGCAGTACCCCGAGAAACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTTGACCCTGGTGTCTCTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7061_L1_AOS_rc|1
TACCCCGAGAAACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTTGACCCTGGTGTCTGTAAATCCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6902_L1_AOS_rc|1
CCTCTCTATCTTTTGCAGGAACCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATTTATAAATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6670_L1_AOS_rc|2
TCTAAATTTGCTAGAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6663_L1_AOS_rc|1
TTGCTAGAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6650_L1_AOS_rc|2
ACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGTGTCTTAGTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6643_L1_AOS_rc|1
TATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGTGTCTTAGTGTATCAGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6397_L1_AOS_rc|1
ATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCAACATTACCTCCTCTGGTAAATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5981_L1_AOS_rc|2
TTACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAGGGTGGCCACAGCCAGTAAACGGGAACCTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5744_L1_AOS_rc|1
ATAAAAATCTGTGCCATATATTGATACTGCAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAATGGCAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5726_L1_AOS_rc|1
TATTGATACTGCAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5700_L1_AOS_rc|2
ACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5693_L1_AOS_rc|1
CAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCTTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5683_L1_AOS_rc|1
TAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCTTGTGTATATATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5673_L1_AOS_rc|1
TAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCTTGTGTATATATATCAGGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5642_L1_AOS_rc|1
TCCTGCTTGTGTATATATATCAGGTAAGTGGCAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAATTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5627_L1_AOS_rc|1
TATATCAGGTAAGTGGCAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAATTTTGTGTGTAGGCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6573_L1_AOS_rc|1
TATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6554_L1_AOS_rc|1
TATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTCCTCACCCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6189_L1_AOS_rc|1
TATAGTCCATAGTAAGATTGTCCCGGGTGTATCGCCAGGCACAACATCATATAAATTGG

>HPV58_Alpha_222386_nt5791_L1_AOS_rc|1
GTAAGCCTGATACCTTGGGAACATACTTTTTATTGTTATTGGGACTTTTGATGGAAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6609_L1_AOS_rc|1
GTTTGTAGTCTGTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAGTAGGCGCACACA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6109_L1_AOS_rc|1
TGAATTACACTAGTAATTAATTCTAATGCAGGGCAATCGCCTGGCTTTACAGTAACATTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6102_L1_AOS_rc|1
CACTAGTAATTAATTCTAATGCAGGGCAATCGCCTGGCTTTACAGTAACATTAGAACATT
>HPV92_Beta_27531786_nt7104_L1_AOS_rc|1
CTTTTTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAGACCATTAAACAGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt7116_L1_AOS_rc|1
TAGTTACTTTTTCTTTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt7097_L1_AOS_rc|1
GTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAGACCATTAAACAGATGTATTAG
>HPV92_Beta_27531786_nt7090_L1_AOS_rc|1
ACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAGACCATTAAACAGATGTATTAGTTAATCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6709_L1_AOS_rc|1
TCTAGTGTATTCTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6434_L1_AOS_rc|1
GTAACATAAAGTTATGGTCTTCATTTACAACCTGCATCTGGGATGGTATCACCCACAACAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6427_L1_AOS_rc|1
AAAGTTATGGTCTTCATTTACAACCTGCATCTGGGATGGTATCACCCACAACACCACCGCG
>HPV92_Beta_27531786_nt6420_L1_AOS_rc|1
TGGTCTTCATTTACAACCTGCATCTGGGATGGTATCACCCACAACACCACCGCGCACAAAC
>HPV75_Beta_2911544_nt7203_L1_AOS_rc|1
GGACACTGGCTGTTCTGGTTACCTTGGGAAGCCCTTCGTAAGCCTGCCTGAAAAAGGAATT
>HPV75_Beta_2911544_nt6633_L1_AOS_rc|1
AACCCTGACCGTGGGAACATAAATAGAGTTGCCCAAAGTGTTTTGAGCCTGCCCAGCGG
>HPV75_Beta_2911544_nt6624_L1_AOS_rc|1
CCGTGGGAACATAAATAGAGTTGCCCAAAGTGTTTTGAGCCTGCCCAGCGGCTGCAGGTA
>HPV76_Beta_2911551_nt6655_L1_AOS_rc|1
TAACGGTAGGCACGTAAATAGAGCTACCCAAAGTGTTTTGGGCCTGTCCAACAGCTGCAG
>HPV76_Beta_2911551_nt7242_L1_AOS_rc|1
GGATGCTGTGCGGACAGTGGCTGTCTGGATACTCTGGAAGCCCGTCGCAGGCCTGCTTG
>HPV76_Beta_2911551_nt7234_L1_AOS_rc|1
TGCGGACAGTGGCTGTCTGGATACTCTGGAAGCCCGTCGCAGGCCTGCTTGAAACAGAA
>HPV76_Beta_2911551_nt6118_L1_AOS_rc|1
TAAATAGGGGATGACCTGTAGACCCTACTCCTAGGGGTTGTCCGCGACCTATTTCCAAAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6602_L1_AOS_rc|1
GTATATAGCACTGCCGGGAGTCTCACGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt7240_L1_AOS_rc|1
CACTTTTTGGAGCGCTTCCGTTTGGTCGAAGCTGGGGAGGGGTGGGCGCCCGGCGTTTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt7230_L1_AOS_rc|1
AGCGCTTCCGTTTGGTCGAAGCTGGGGAGGGGTGGGCGCCCGGCGTTTGCGAGAGGGAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt7223_L1_AOS_rc|1
CCGTTTGGTCGAAGCTGGGGAGGGGTGGGCGCCCGGCGTTTGCGAGAGGGAACCACCGA
>HPV77_Alpha_2911558_nt7214_L1_AOS_rc|1
CGAAGCTGGGGAGGGGTGGGCGCCCGGCGTTTGCGAGAGGGAACCACCGAACGACGTCG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6587_L1_AOS_rc|1
GGGAGTCTCACGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6579_L1_AOS_rc|1
CACGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCACCCG
>HPV80_Beta_2911565_nt6571_L1_AOS_rc|1
CAGTAGGAAAAATATGTGAATTTGCTAAAAACAGTTGTTGCTGGCCTGTTTGTGCTGGTA
>HPV80_Beta_2911565_nt6772_L1_AOS_rc|1

TAATATTTTGTGTATTATATTCAGTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGA
>HPV80_Beta_2911565_nt6763_L1_AOS_rc|2
GTGTATTATATTCAGTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGT
>HPV80_Beta_2911565_nt6756_L1_AOS_rc|1
ATATTCAGTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGTTCCTTGT
>HPV80_Beta_2911565_nt6749_L1_AOS_rc|1
GTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGTTCCTTGTATTATCA
>HPV80_Beta_2911565_nt6562_L1_AOS_rc|1
AATATGTGGAATTTGCTAAAACACGTTGTTGCTGGCCTGTTTGTGCTGGTAAATAAAAGT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7253_L1_AOS_rc|1
ATTCCAGAATGTTAATTTTTCATAAGGATCAGGTTTTTCCTTTGGTGGAATTTTATCGGG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6984_L1_AOS_rc|1
TTTGTGAGTCATATGATTGTATTTGCTGTATATCTTGATTTTCACTAGATATAGATATAC
>HPV65_Gamma_312100_nt6179_L1_AOS_rc|1
TAGGAGTGCCTATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAG
>HPV65_Gamma_312100_nt6172_L1_AOS_rc|1
GCCTATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCA
>HPV65_Gamma_312100_nt6165_L1_AOS_rc|1
TATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCA
>HPV65_Gamma_312100_nt6158_L1_AOS_rc|1
GTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6151_L1_AOS_rc|2
TAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTAACCTCGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6144_L1_AOS_rc|1
TTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTAACCTCGAAAGGTTCT
>HPV65_Gamma_312100_nt5585_L1_AOS_rc|1
TTCCTCTGAGTCTCCAAACAAGACGTTTCATGGTCAGAATCATAGAAACCATTATCAATCA
>HPV65_Gamma_312100_nt5576_L1_AOS_rc|2
GTCTCCAAACAAGACGTTTCATGGTCAGAATCATAGAAACCATTATCAATCAATGCAAACC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6906_L1_AOS_rc|1
ATTGATTTCCCAAAAAGTACTTTTTAAGAGGATCTTCCTTTGCTGTTGGAGGGGATGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6895_L1_AOS_rc|1
AAAAACTGTACTTTTTAAGAGGATCTTCCTTTGCTGTTGGAGGGGATGTTTTTTGACAGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6760_L1_AOS_rc|1
AGTCTCTAATATATCTGGATTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6753_L1_AOS_rc|1
TAATATATCTGGATTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGATATTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6745_L1_AOS_rc|1
CTGGATTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGATATTTTGCACAGCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6738_L1_AOS_rc|1
CATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGATATTTTGCACAGCTGAAATAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6437_L1_AOS_rc|1
GGAAAAAAGCTGAGGTTTGCAGTGCAGAAGTGTTTGCAGATCCCTTAAAATACAAATCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5754_L1_AOS_rc|1
CACCTTGGGCACTAACACCTTTTTAGTGTGGAGGGATTAGGAATGGAAAAGTAAGGATG
>HPV11_Alpha_333026_nt7176_L1_AOS_rc|2
AGGGCTTAGACACAGCTGGGCGCTTTATACCTGTACGAGCAGACGTCCGTCCTCGATATC
>HPV11_Alpha_333026_nt7193_L1_AOS_rc|1
TCGTTTGGGGGCTGTAGAGGGCTTAGACACAGCTGGGCGCTTTATACCTGTACGAGCAGA
>HPV11_Alpha_333026_nt7186_L1_AOS_rc|1
GGGGCTGTAGAGGGCTTAGACACAGCTGGGCGCTTTATACCTGTACGAGCAGACGTCCGT
>HPV11_Alpha_333026_nt6787_L1_AOS_rc|1
TATTCCTTATAATCTGAATTAGTGTATGTAGCAGATTTAGACACAGATGCACATAGTGTG
>HPV31_Alpha_333048_nt6981_L1_AOS_rc|1
CTGGTGTAGTGGTAGATGCTGAGGGTGCACCTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTG

>HPV31_Alpha_333048_nt6974_L1_AOS_rc|1
AGTGGTAGATGCTGAGGGTGCACCTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATA
>HPV31_Alpha_333048_nt6967_L1_AOS_rc|2
GATGCTGAGGGTGCACCTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATATCCTGCC
>HPV33_Alpha_333049_nt7012_L1_AOS_rc|1
TTTGCAGACGATGTGCGGGTGGATGTGGGGGCTGCACGTTTAAGTTTGGTTTGTCTTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6970_L1_AOS_rc|1
GCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTAACAAAAATTTACGGC
>HPV35_Alpha_333050_nt6992_L1_AOS_rc|1
GATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCT
>HPV35_Alpha_333050_nt6982_L1_AOS_rc|1
CTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTAACA
>HPV35_Alpha_333050_nt6963_L1_AOS_rc|1
TAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTAACAAAAATTTACGGCCCAACGG
>HPV35_Alpha_333050_nt5966_L1_AOS_rc|1
GAAATGCATTCCCTGTTATCTGTACCAGAGTTACCAGAGTTACCAACATATTTATTAAGA
>HPV35_Alpha_333050_nt5957_L1_AOS_rc|1
TCCCTGTTATCTGTACCAGAGTTACCAGAGTTACCAACATATTTATTAAGATTTTCAGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5714_L1_AOS_rc|1
CCAGATAACCTTGGGTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTTTTTAAATAGCATAGTATGGG
>HPV47_Beta_333062_nt6949_L1_AOS_rc|1
TAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATTTGTA
>HPV47_Beta_333062_nt6964_L1_AOS_rc|1
AAATTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAG
>HPV47_Beta_333062_nt6956_L1_AOS_rc|1
TGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAA
>HPV42_Alpha_333211_nt6618_L1_AOS_rc|1
ATGCATTATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCATCAGGTACAGGTTACCAATTGCGCCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt7265_L1_AOS_rc|1
TTTAGCTGAAGAAACAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACAGACAGTTTAGG
>HPV42_Alpha_333211_nt6645_L1_AOS_rc|1
TACTACTACCTAAATTATGTCTGCCAGATGCATTATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6638_L1_AOS_rc|1
ACCTAAATTATGTCTGCCAGATGCATTATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCATCAGGTAC
>HPV39_Alpha_333245_nt7078_L1_AOS_rc|2
TGTGTTTGTAGCTGAGGACGAGGAAGTGGATGCAGCAGGCCGCTTTCGGGGACCTATAG
>HPV39_Alpha_333245_nt7071_L1_AOS_rc|1
AGTAGCTGAGGACGAGGAAGTGGATGCAGCAGGCCGCTTTCGGGGACCTATAGTAGGGCG
>HPV39_Alpha_333245_nt7063_L1_AOS_rc|1
AGGACGAGGAAGTGGATGCAGCAGGCCGCTTTCGGGGACCTATAGTAGGGCGCCTGCGGA
>HPV39_Alpha_333245_nt6856_L1_AOS_rc|1
CTGCAGACTGTAGGTATCTGTAAGTGTCTACCAAACCTGGCAGATGGTGGAGGAGCTACAG
>HPV39_Alpha_333245_nt6658_L1_AOS_rc|2
TAGAAGGATCATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGG
>HPV39_Alpha_333245_nt6455_L1_AOS_rc|1
CAGTATACAGAACTACCGGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCA
>HPV39_Alpha_333245_nt6448_L1_AOS_rc|2
CAGAACTACCGGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAATGG
>HPV39_Alpha_333245_nt6441_L1_AOS_rc|2
ACCGGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAATGGCGTCACC
>HPV39_Alpha_333245_nt6433_L1_AOS_rc|1
TTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAATGGCGTCACCCACCATAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6426_L1_AOS_rc|1
TATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAATGGCGTCACCCACCATACCACCAG
>HPV93_Beta_37089393_nt7102_L1_AOS_rc|1

TAGTTCCTCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATTTGCCTGAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6942_L1_AOS_rc|1
TTCCTTTGGTGGAACCTTATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6935_L1_AOS_rc|2
GGTGGAACCTTATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6928_L1_AOS_rc|1
CCTTATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6921_L1_AOS_rc|2
GGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6158_L1_AOS_rc|1
ACTAATTGTATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTCCATCACATTTAGGTGCA
>HPV93_Beta_37089393_nt6151_L1_AOS_rc|1
GTATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTCCATCACATTTAGGTGCAACATCCC
>HPV12_Beta_396910_nt6897_L1_AOS_rc|1
ATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGTAAATAGATATACTGAAATTGGT
>HPV12_Beta_396910_nt6373_L1_AOS_rc|1
CTTCAATGAAAGTGTCTTTAACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCAT
>HPV14D_Beta_396918_nt6445_L1_AOS_rc|1
CCAATATTGTTTGTGGTTGATTGTGCATTGGTGAATGTAATAAACATTCTTTAGGCTA
>HPV14D_Beta_396918_nt6672_L1_AOS_rc|1
TCTGAGAGGTATAATTGTCAATTTTGGATACCTCAGTGTCTTCTGAACTAACTGATATAC
>HPV14D_Beta_396918_nt6458_L1_AOS_rc|1
ATACATGGCATTGCCAATATTGTTTTGTGGTTGATTGTGCATTGGTGAATGTAATAAAC
>HPV14D_Beta_396918_nt5997_L1_AOS_rc|1
CAAATGACACATTTTGTCTGTGCATCAGTGGAGTTAGCTTGTTGCCTGTATGAGTTGGGAT
>HPV14D_Beta_396918_nt5982_L1_AOS_rc|1
GTCTGTGCATCAGTGGAGTTAGCTTGTTGCCTGTATGAGTTGGGATTTTCTGTATCACCAA
>HPV15_Beta_396924_nt6558_L1_AOS_rc|1
AACTGTGGGAAAGTAAGTAGAATTTGCTAAGTTATTTTGTGTTGGGTTGATTGTGCTGG
>HPV15_Beta_396924_nt6547_L1_AOS_rc|1
AGTAAGTAGAATTTGCTAAGTTATTTTGTGTTGGGTTGATTGTGCTGGTAAATAAAAAAT
>HPV17_Beta_396932_nt6751_L1_AOS_rc|1
CAGCCCCAGCTTCTGTAGACACGCTAATAGAAAAATTTGTGTTCCCTAGTGTGTCAGCTA
>HPV17_Beta_396932_nt6581_L1_AOS_rc|2
CTTACAGTTGGAAAATAAGTGAATTACCCAAAGTGCGCTGTTGTTGGCCAGTTTGAGCT
>HPV17_Beta_396932_nt6574_L1_AOS_rc|1
TTGGAAAATAAGTGAATTACCCAAAGTGCGCTGTTGTTGGCCAGTTTGAGCTGGTAAAT
>HPV17_Beta_396932_nt6565_L1_AOS_rc|1
AAGTGAATTACCCAAAGTGCGCTGTTGTTGGCCAGTTTGAGCTGGTAAATAAAATTTGT
>HPV17_Beta_396932_nt6558_L1_AOS_rc|1
ATTACCCAAAGTGCGCTGTTGTTGGCCAGTTTGAGCTGGTAAATAAAATTTGTGATCCTG
>HPV17_Beta_396932_nt6070_L1_AOS_rc|1
AGCTACTGTTATTTTTCAGTGTCTCTTAACCTATTAAACAAGGGATGTCTGTAGTGCCTA
>HPV19_Beta_396940_nt6704_L1_AOS_rc|2
ATTTCCATAAATTAGTATATTGTTGCTGACTATTGTTAGGAGGTATGTAGTATGTATTTTT
>HPV25_Beta_396948_nt7158_L1_AOS_rc|1
TGTGGCTAAAGAATCAATGTAGCGATAAGTATCCTGAATAGAATTGTCCGGTGCAGGAAC
>HPV25_Beta_396948_nt7147_L1_AOS_rc|1
AATCAATGTAGCGATAAGTATCCTGAATAGAATTGTCCGGTGCAGGAACGAATCCTAATT
>HPV25_Beta_396948_nt7061_L1_AOS_rc|2
ATTGCATTAATCTGAGCCAATATTTCTGCCCTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATT
>HPV25_Beta_396948_nt7054_L1_AOS_rc|2
TAATCTGAGCCAATATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATA
>HPV25_Beta_396948_nt7047_L1_AOS_rc|1
AGCCAATATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATAACTCATA

>HPV25_Beta_396948_nt6737_L1_AOS_rc|1
ATTGAGTTACCTAGATTATTATATTGAGCCTGACTACTGTTAGGTGGTATGTAAAATGCA
>HPV27_Alpha_396964_nt5524_L1_AOS_rc|1
CAACACCACCCGAGAGAGGGGCTGTAGTGGACCCTCGCAGTGTAGATGCAGAGGAGGCAG
>HPV27_Alpha_396964_nt5669_L1_AOS_rc|1
GGCCACAGGATATAACTTGGCAGTAAATAATAATCCCCCCCCAAATATGTAAACAGAGGAT
>HPV27_Alpha_396964_nt5641_L1_AOS_rc|1
AATAATCCCCCCCCAAATATGTAAACAGAGGATGGCAACGATGGAGCCACAGGAATGAGGG
>HPV27_Alpha_396964_nt5632_L1_AOS_rc|1
CCCCAAATATGTAAACAGAGGATGGCAACGATGGAGCCACAGGAATGAGGGGCCCCAAAC
>HPV27_Alpha_396964_nt5624_L1_AOS_rc|1
ATGTAAACAGAGGATGGCAACGATGGAGCCACAGGAATGAGGGGCCCCAAACCAGGAACA
>HPV27_Alpha_396964_nt5608_L1_AOS_rc|1
GCAACGATGGAGCCACAGGAATGAGGGGCCCCAAACCAGGAACAACGGGTGGTTCAATAT
>HPV27_Alpha_396964_nt5595_L1_AOS_rc|1
CACAGGAATGAGGGGCCCCAAACCAGGAACAACGGGTGGTTCAATATCAGGCCCAGTATA
>HPV27_Alpha_396964_nt5581_L1_AOS_rc|1
GCCCCAAACCAGGAACAACGGGTGGTTCAATATCAGGCCCAGTATACACAGGCACATCAA
>HPV27_Alpha_396964_nt5560_L1_AOS_rc|1
GTGGTTCAATATCAGGCCCAGTATACACAGGCACATCAACACCACCCGAGAGAGGGGCTG
>HPV27_Alpha_396964_nt5510_L1_AOS_rc|1
AGAGGGGCTGTAGTGGACCCTCGCAGTGTAGATGCAGAGGAGGCAGATACCGTGGTATTA
>HPV30_Alpha_396973_nt7098_L1_AOS_rc|2
TCACCGCCGCTTGCCTTTGGCTGATGGTGTAGAGGTAGAGGAAGTGGGGGCCGAGCGTTT
>HPV30_Alpha_396973_nt7090_L1_AOS_rc|1
GCTTGCCTTTGGCTGATGGTGTAGAGGTAGAGGAAGTGGGGGCCGAGCGTTTTTTTAGTAG
>HPV30_Alpha_396973_nt7082_L1_AOS_rc|1
TTGGCTGATGGTGTAGAGGTAGAGGAAGTGGGGGCCGAGCGTTTTTTTAGTAGTAGTAGAA
>HPV30_Alpha_396973_nt7075_L1_AOS_rc|1
ATGGTGTAGAGGTAGAGGAAGTGGGGGCCGAGCGTTTTTTTAGTAGTAGTAGAAGGTTTAG
>HPV30_Alpha_396973_nt7066_L1_AOS_rc|1
AGGTAGAGGAAGTGGGGGCCGAGCGTTTTTTTAGTAGTAGTAGAAGGTTTAGTACGAACCC
>HPV30_Alpha_396973_nt6841_L1_AOS_rc|1
ATTTGTCTCTAAGCTTGTGGCAGCTGGGGGTGACAATCCAATATTCCAGCCCTCAAGTA
>HPV30_Alpha_396973_nt6833_L1_AOS_rc|1
TCTAAGCTTGTGGCAGCTGGGGGTGACAATCCAATATTCCAGCCCTCAAGTAAAGTGGAG
>HPV30_Alpha_396973_nt6826_L1_AOS_rc|2
TTGTGGCAGCTGGGGGTGACAATCCAATATTCCAGCCCTCAAGTAAAGTGGAGTTCATAG
>HPV30_Alpha_396973_nt6819_L1_AOS_rc|1
AGCTGGGGGTGACAATCCAATATTCCAGCCCTCAAGTAAAGTGGAGTTCATAGTATGTAA
>HPV30_Alpha_396973_nt6655_L1_AOS_rc|1
TATATGTGGATAACGTTTGTGTGGTTGCAGATATAGTCATGTTTGTGTTCTAGTGGTGT
>HPV3_Alpha_397005_nt7029_L1_AOS_rc|1
GTTTAGTTTGGCGTAGGGGTCTTGCTTCTCAGTGGGAGGTGCATCTTCTGGCAGGTAAT
>HPV3_Alpha_397005_nt7178_L1_AOS_rc|1
GCAGCTGTTCTAGATGTGGTTGTGCGCGAGCGTTTACGAACAGATATACTAGAGCGGGTA
>HPV3_Alpha_397005_nt7154_L1_AOS_rc|1
GCCGAGCGTTTACGAACAGATATACTAGAGCGGGTACCTACACCGAGCTGCATGAGAAAT
>HPV3_Alpha_397005_nt7147_L1_AOS_rc|1
GTTTACGAACAGATATACTAGAGCGGGTACCTACACCGAGCTGCATGAGAAATTTCTCTGC
>HPV3_Alpha_397005_nt6772_L1_AOS_rc|1
ATTTAGTAGCATCATATGTAGCCGAGGTTTCAGTAGAAACACACAATGTCATATTAGTAC
>HPV3_Alpha_397005_nt6523_L1_AOS_rc|1
CTTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATACCAGCTCTGTTAAGAAAAAT
>HPV40_Alpha_397014_nt6569_L1_AOS_rc|2

TAGGAGTCCGACCAGATGTACCTGTTATATATAAGTCAGTTGGGACACTATCACCAGTAG
>HPV45_Alpha_397022_nt7077_L1_AOS_rc|1
CGTATACGTACACGTTTGGCAGGCCTAGATGCAGTAGATGCAGTAGACGTGGAAGCAGCA
>HPV45_Alpha_397022_nt7089_L1_AOS_rc|1
TATTTCTTACTACGTATACGTACACGTTTGGCAGGCCTAGATGCAGTAGATGCAGTAGAC
>HPV45_Alpha_397022_nt7070_L1_AOS_rc|1
GTACACGTTTGGCAGGCCTAGATGCAGTAGATGCAGTAGACGTGGAAGCAGCAGGACGCT
>HPV52_Alpha_397038_nt6462_L1_AOS_rc|1
GCTTTGTACAGTGGCAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAAATCACCTGGCAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6455_L1_AOS_rc|1
ACAGTGGCAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAAATCACCTGGCACAGGGTCA
>HPV52_Alpha_397038_nt6448_L1_AOS_rc|1
CAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAAATCACCTGGCACAGGGTCACCTAAGG
>HPV52_Alpha_397038_nt6441_L1_AOS_rc|1
GCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAAATCACCTGGCACAGGGTCACCTAAGGTACCGGC
>HPV56_Alpha_397053_nt6120_L1_AOS_rc|1
CTATAGGTGTATTAATTAATGCAAGAGGCGGGCAGTCCCCTGTGGTAACTTGTGTGGACT
>HPV56_Alpha_397053_nt7010_L1_AOS_rc|1
AGAGGTGGAGGTAGGAGCAGATCGCTTTTGTAGAGGTAGCTACAGCAGGCTTTGACCTAGT
>HPV56_Alpha_397053_nt7002_L1_AOS_rc|2
AGGTAGGAGCAGATCGCTTTTGTAGAGGTAGCTACAGCAGGCTTTGACCTAGTGCCCAGTT
>HPV56_Alpha_397053_nt6626_L1_AOS_rc|1
TCTAAGGTACTGATTAATTTTTCGTGCATCATATTTACTTAACTGTTCTGTAGCAGTACT
>HPV56_Alpha_397053_nt6409_L1_AOS_rc|1
ACATATACAGAACTCGGAGGGGGTTCTCTACCATTGCTACCCTTTAAATATAACTCTGCA
>HPV56_Alpha_397053_nt6387_L1_AOS_rc|2
GTTCTCTACCATTGCTACCCTTTAAATATAACTCTGCAGGTATTGTTTCCCCAACTTTAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6108_L1_AOS_rc|1
TAATTAATGCAAGAGGCGGGCAGTCCCCTGTGGTAACTTGTGTGGACTTACACACAGCAC
>HPV56_Alpha_397053_nt5509_L1_AOS_rc|1
GCGCCTACGTCTAAAAAATACACAGGCCATAATGCAAAGGAGGATCCCTGTATATATAC
>HPV56_Alpha_397053_nt5502_L1_AOS_rc|1
CGTCTAAAAAATACACAGGCCATAATGCAAAGGAGGATCCCTGTATATATACATCATGG
>HPV56_Alpha_397053_nt5495_L1_AOS_rc|1
AAAAATACACAGGCCATAATGCAAAGGAGGATCCCTGTATATATACATCATGGGTAACAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6590_L1_AOS_rc|1
AATGTAAGTACCCGGCATTGTGTCTGTCACTGCCTGGGGTACCTTTTCATATACAGGTCAGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6583_L1_AOS_rc|1
CTGCCCCGGCATTTGTCTGTCACTGCCTGGGGTACCTTTTCATATACAGGTCAGTGGGCAGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6971_L1_AOS_rc|1
ATGGCCTTGTTAGACAAAAAGCGATAAGTATCTTCCAAAGAAGCAGAGGCAGGTGGGGAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6541_L1_AOS_rc|2
ACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTTTACCAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt6384_L1_AOS_rc|2
GAATGGTTGTATTTTAACTCCAAGGGGGGGCATTTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt6359_L1_AOS_rc|2
GGGGGGGCATTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCACAAAAGGTACCCCGGGCCCAGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6821_L1_AOS_rc|1
TTGTGCCTGTTGCAGTTTGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6812_L1_AOS_rc|1
TTGCAGTTTGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6650_L1_AOS_rc|1
TTTCTGCTGGTGGATTTTGTAGTTGGACAACGAGTAGCTCTGGATGTAATGAATCTGTATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6232_L1_AOS_rc|1
AAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTT

>HPV95_Gamma_40804520_nt6224_L1_AOS_rc|1
CGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTTCCTTGGTTACTCTGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6217_L1_AOS_rc|1
AGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTTCCTTGGTTACTCTGAGCAGCAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6210_L1_AOS_rc|1
AAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTTCCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6203_L1_AOS_rc|1
TGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTTCCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6196_L1_AOS_rc|1
GCCAAGATTATTTTGTTCCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACTTCACTTC
>HPV94_Alpha_40804528_nt6559_L1_AOS_rc|1
ACCACCGGCCGACTTCAATATTAGAGTGTGAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCT
>HPV94_Alpha_40804528_nt6552_L1_AOS_rc|1
GCCGACTTCAATATTAGAGTGTGAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCTATTGAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5995_L1_AOS_rc|2
CTGACACATTATCTCTAGTGTGCTGTGTAACACTACAGAAGTAGCAACATGGGAATTTTCTG
>HPV96_Beta_50253426_nt7334_L1_AOS_rc|1
CAGCGTCGTTTTTCGTTTTGTACCTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCT
>HPV96_Beta_50253426_nt7326_L1_AOS_rc|1
TTTTTCGTTTTGTACCTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTTAAC
>HPV96_Beta_50253426_nt7319_L1_AOS_rc|1
TTTGTACCTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTTAACCTTTTTG
>HPV96_Beta_50253426_nt7312_L1_AOS_rc|1
CTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTTAACCTCTTTTGTTTTGCA
>HPV96_Beta_50253426_nt7303_L1_AOS_rc|1
TTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTTAACCTCTTTTGTTTTGCAGGTTGGCTT
>HPV96_Beta_50253426_nt6751_L1_AOS_rc|2
TGAAAATCTGTGCATCTGTAGAACTAAAGATCCACTGACTGTGGGAGTGTAATGGAAC
>HPV96_Beta_50253426_nt6714_L1_AOS_rc|1
GACTGTGGGAGTGTAATGGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTT
>HPV96_Beta_50253426_nt6707_L1_AOS_rc|1
GGAGTGTAATGGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6700_L1_AOS_rc|1
AAATGGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6693_L1_AOS_rc|1
ACTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTCTTC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6567_L1_AOS_rc|2
AGGAGCATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6560_L1_AOS_rc|1
TAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6553_L1_AOS_rc|1
AGCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6546_L1_AOS_rc|1
AAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAGCACCTC
>HPV59_Alpha_557236_nt7071_L1_AOS_rc|2
ATTTTCTGGAAGACTTGCGACGCTTAACACGTTTTTGGTGATGGGGTAGAGGTAGGGGCAG
>HPV59_Alpha_557236_nt7064_L1_AOS_rc|1
GGAAGACTTGCGACGCTTAACACGTTTTTGGTGATGGGGTAGAGGTAGGGGCAGGCGCTGC
>HPV59_Alpha_557236_nt7057_L1_AOS_rc|1
TTGCGACGCTTAACACGTTTTTGGTGATGGGGTAGAGGTAGGGGCAGGCGCTGCACGTTTG
>HPV59_Alpha_557236_nt6901_L1_AOS_rc|3
AGATCTACAGGCCAAAACCTTTAGTTTGTCTATAAGGGTCCTGTTTAACTGGCGGTGCGGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt6643_L1_AOS_rc|1
CTGGCATATTCTTTAAACTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6634_L1_AOS_rc|1

TCTTTAAACTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACA
>HPV59_Alpha_557236_nt6627_L1_AOS_rc|1
AACTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAAAGAT
>HPV59_Alpha_557236_nt6620_L1_AOS_rc|1
AGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAAAGATTGGTGCT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7207_L1_AOS_rc|1
GTTTAGGGGCAGCAGAGGCTTTGGAAACAGCAGGGCGCTTAACACCGGTACGAATAGAGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7232_L1_AOS_rc|1
TACCTTTTGGTTTGGCGCGCTTACGTTTAGGGGCAGCAGAGGCTTTGGAAACAGCAGGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7223_L1_AOS_rc|1
GTTTTGGCGCGCTTACGTTTAGGGGCAGCAGAGGCTTTGGAAACAGCAGGGCGCTTAACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt7216_L1_AOS_rc|1
CGCGCTTACGTTTAGGGGCAGCAGAGGCTTTGGAAACAGCAGGGCGCTTAACACCGGTAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7200_L1_AOS_rc|1
GGCAGCAGAGGCTTTGGAAACAGCAGGGCGCTTAACACCGGTACGAATAGAGGACCGTCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7193_L1_AOS_rc|1
GAGGCTTTGGAAACAGCAGGGCGCTTAACACCGGTACGAATAGAGGACCGTCCCCTATAT
>HPV57_Alpha_60882_nt6984_L1_AOS_rc|1
GGTCTTAGGGGGTGTGGGCTTCTGACATGTTATCGCTTGGGATTGCAAATACCTGTAGGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6977_L1_AOS_rc|1
GGGGGTGTGGGCTTCTGACATGTTATCGCTTGGGATTGCAAATACCTGTAGGTGTCCTGC
>HPV57_Alpha_60882_nt6970_L1_AOS_rc|1
TGGGCTTCTGACATGTTATCGCTTGGGATTGCAAATACCTGTAGGTGTCCTGCAGGCTGG
>HPV57_Alpha_60882_nt6952_L1_AOS_rc|1
TCGCTTGGGATTGCAAATACCTGTAGGTGTCCTGCAGGCTGGCGGACGGGGGTGGGGGGA
>HPV57_Alpha_60882_nt6540_L1_AOS_rc|1
ACCGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTCATCCGGGAGGGCGTCACCCAT
>HPV57_Alpha_60882_nt6370_L1_AOS_rc|1
TACATATGTTAGTACAGATATCCAAGGGGACATCTGATTTGTTGGACTGTAGAGCGGCAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6371_L1_AOS_rc|2
CTAGGCGTACGTGAGTATATAGAAGTAGTTGGAGGTTACGACCTTGACCAGCGCCTTTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6610_L1_AOS_rc|1
GCCTAATGTACTGCTTAAAGTTTGCTGGAGTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6589_L1_AOS_rc|1
TTGCTGGAGTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATTGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6341_L1_AOS_rc|3
TTAATATAAGCCTTGTCTGGAATGGCATCACCAACCACACCAGCCTTATTATAGTAATGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6284_L1_AOS_rc|1
GAGTTTCACGAATGTCAGTGCCCTTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCTTACCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6512_L1_AOS_rc|1
TAAATTTATTAGAATCATACACAGCTGGTACAGTAGAGTCTGTAGTAGTGACAAATGTAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6277_L1_AOS_rc|1
ACGAATGTCAGTGCCCTTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCTTACCATGCCTCC
>HPV97_Alpha_71726694_nt6956_L1_AOS_rc|1
ATTTTTTACGACGGACACGTAAACGCTTAGCAGGTTTGAAGTAGTAGGGGCAGACGGGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6530_L1_AOS_rc|1
TACTATACTGTTTATATTTTGTAGGGTCATATGTGGTAGCTACGCCATTTTGTGTAGAAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6522_L1_AOS_rc|1
TGTTTATATTTGTAGGGTCATATGTGGTAGCTACGCCATTTTGTGTAGAAGCACACAGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6586_L1_AOS_rc|1
AGAGGCGCGGATGTAGTAGTAGGCCCCTTAGTAAAAACCTTCCGGAACATCCTCCCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5690_L1_AOS_rc|1
CTAGGAAGCAACACATATGAGGGCAATAAATAATATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5678_L1_AOS_rc|1
ACATATGAGGGCAATAAATAATATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCGCCTGTGGGGTGA

>HPV106_Alpha_71726710_nt5671_L1_AOS_rc|1
AGGGCAATAAATAATATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCGCCTGTGGGGTGACCAGGAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5664_L1_AOS_rc|2
TAAATAATATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCGCCTGTGGGGTGACCAGGAGGGGTAGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5656_L1_AOS_rc|1
ATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCGCCTGTGGGGTGACCAGGAGGGGTAGGGGGCACGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5620_L1_AOS_rc|1
GACCAGGAGGGGTAGGGGGGCACGGGCCAAGCAGTGTGGGAATCGGGAAGAGCACTGTCAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5613_L1_AOS_rc|1
AGGGGTAGGGGGGCACGGGCCAAGCAGTGTGGGAATCGGGAAGAGCACTGTCAGGGCCACT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5605_L1_AOS_rc|1
GGGGCACGGGCCAAGCAGTGTGGGAATCGGGAAGAGCACTGTCAGGGCCACTAAAAACAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5682_L1_AOS_rc|1
TAAGTAATTAGGCAATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5673_L1_AOS_rc|1
AGGCAATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5525_L1_AOS_rc|1
GGTACTGTGACATTGTCTATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5518_L1_AOS_rc|2
TGACATTGTCTATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5511_L1_AOS_rc|1
GTCATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5493_L1_AOS_rc|2
CACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAGAAGTATATGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5482_L1_AOS_rc|1
CTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAGAAGTATATGAAACATGTGGAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5475_L1_AOS_rc|1
ATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAGAAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5447_L1_AOS_rc|1
GAAGAAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5868_L1_AOS_rc|1
TACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTGTTTCTTAATAGGAAAATAAGGATTTCCCACTGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7147_L1_AOS_rc|2
TGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGACTGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7140_L1_AOS_rc|1
AGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGACTGAACGCCTGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7133_L1_AOS_rc|1
GATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGACTGAACGCCTGTTTGTAAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6758_L1_AOS_rc|1
ATGTACTGTTTATATTCTGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGCTGCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6751_L1_AOS_rc|1
GTTTATATTCTGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGCTGCACACACAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6508_L1_AOS_rc|1
CCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAGCCTGCCCTGTAAAGAAAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt7210_L1_AOS_rc|1
GCCTTACCCGTTTTCTGTTTACTAGTGGGCGGCGTGGTCCCCGAAACAGCGGCGCGCTTGC
>HPV2_Alpha_9626032_nt6787_L1_AOS_rc|1
TGGTAGCCTTATAATTAGTATCAGACGCCTCAGTGGCACACAGAGATACATTAGTGCTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6790_L1_AOS_rc|1
GCAATGGACAGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6775_L1_AOS_rc|1
TACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6768_L1_AOS_rc|1
AATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAATAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6662_L1_AOS_rc|1

GTCTACCTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTCCTTAAAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6287_L1_AOS_rc|1
CATTATATGCCTAGCATACAGAGCTTCACGCCGCACATAGAAAAACATGTGGTCTCCATA
>HPV41_Nu_9626041_nt5779_L1_AOS_rc|1
ACCAGACGCTCCTTGTCTAGGGTTAAAAAGGGACTTATCACAAAATGCAAAGGTATTGGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5772_L1_AOS_rc|1
GCTCCTTGTCTAGGGTTAAAAAGGGACTTATCACAAAATGCAAAGGTATTGGGATTTGGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5694_L1_AOS_rc|1
TGAAGTATTAGAGGAACTTTAGGGACCACCTCTTTGCCATCCGCATTAGTAATATTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6713_L1_AOS_rc|2
AGAATTTATATTGACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCGCCTGTTCTGGACATT
>HPV1_Mu_9626063_nt6706_L1_AOS_rc|1
ATATTGACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCGCCTGTTCTGGACATTTTGCTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6233_L1_AOS_rc|1
CTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTAAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6226_L1_AOS_rc|1
TGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTAAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACC
>HPV1_Mu_9626063_nt6219_L1_AOS_rc|1
GGTTCAGCATCTGCTGTAAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACCCACCGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6203_L1_AOS_rc|2
TTAAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACCCACCGAACCCCCGCGAGTAAAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5440_L1_AOS_rc|1
GGACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGAAGTATTCTGCGCTGGTAACCA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6649_L1_AOS_rc|1
TGCTATACTGCTTAAATTTGGTAGCATCATATTGCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5455_L1_AOS_rc|1
GAGGCAGGGGCCGTGGGTGATACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5448_L1_AOS_rc|1
GGGCCGTGGGTGATACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATATCAGGAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5441_L1_AOS_rc|2
GGGTGATACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATATCAGGACCCGTGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5434_L1_AOS_rc|1
ACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATATCAGGACCCGTGTATACAGGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6396_L1_AOS_rc|1
AATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6420_L1_AOS_rc|2
CTATATGTCTGAGGTACTGTTTTAAATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6413_L1_AOS_rc|1
TCTGAGGTACTGTTTTAAATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6406_L1_AOS_rc|1
TACTGTTTAAATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6200_L1_AOS_rc|2
ACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCATAAGTGTACTGATCTTGTGGTTTTGAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6567_L1_AOS_rc|1
ATAGCATTTGCAGGAGTTGAGAACTGTAACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGGATCC
>HPV63_Mu_9626605_nt6560_L1_AOS_rc|1
TTGCAGGAGTTGAGAACTGTAACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGGATCCATATTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6425_L1_AOS_rc|1
CATGGCGAGTATACTCATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6417_L1_AOS_rc|1
GTATACTCATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTAAAGAACATTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6410_L1_AOS_rc|1
CATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTAAAGAACATTTATATTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6403_L1_AOS_rc|1
ATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTAAAGAACATTTATATTTCATCGTGGT

>HPV63_Mu_9626605_nt6396_L1_AOS_rc|1
CTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTATATTCATCGTGGTTCCTCTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6206_L1_AOS_rc|2
CTACAAAATAATTATCTGTAGCAATAGTATTTTGGGGTTGCTCGGCTTTAGCAGCAATAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6169_L1_AOS_rc|1
TTGCTCGGCTTTAGCAGCAATATATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6162_L1_AOS_rc|1
GCTTTAGCAGCAATATATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACAATTCAGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7066_L1_AOS_rc|1
TTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTTCTTAATGTAAATTTTGGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7059_L1_AOS_rc|1
GGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTTCTTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6455_L1_AOS_rc|1
GGAAAATAATTTGAAGTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6448_L1_AOS_rc|1
AATTTGAAGTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6441_L1_AOS_rc|2
ACTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTACATTTTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6434_L1_AOS_rc|2
AAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTACATTTTCACCAACA
>HPV5_Beta_9627145_nt6972_L1_AOS_rc|2
TTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATACTGAAATTA
>HPV5_Beta_9627145_nt6989_L1_AOS_rc|1
CTCTAAATTGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATA
>HPV5_Beta_9627145_nt6981_L1_AOS_rc|2
TGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATA
>HPV5_Beta_9627145_nt6965_L1_AOS_rc|1
CTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATACTGAAATTAGTATTTTC
>HPV5_Beta_9627145_nt6740_L1_AOS_rc|1
GAGCTTGGCCATCAGCCCCTGGAATGTAAAACTGATTTTTGTATGTACCATTGTCAATTT
>HPV5_Beta_9627145_nt6731_L1_AOS_rc|1
CATCAGCCCCTGGAATGTAAAACTGATTTTTGTATGTACCATTGTCAATTTGTGCACGTG
>HPV5_Beta_9627145_nt6533_L1_AOS_rc|1
TGACGATGTCTAAACTGACATCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAATTCATGTTCC
>HPV5_Beta_9627145_nt6520_L1_AOS_rc|1
ACTGACATCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAATTCATGTTCCCAAACCTATGTC
>HPV5_Beta_9627145_nt6513_L1_AOS_rc|1
TCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAATTCATGTTCCCAAACCTATGTCTGCCATA
>HPV5_Beta_9627145_nt6057_L1_AOS_rc|1
GAAACCTTAGGAACCTCAAGCTTATCACCATTAAATATTGTATACATTGAAATAAGGATGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6112_L1_AOS_rc|1
TCAATAATGCTGGAAATTAATTCTAAGGGGGGGCAATCCCCACGTTGTGTCTGTGTATTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6673_L1_AOS_rc|1
AGCTAAATTATTTCTGCCAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCCTCAGGAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7323_L1_AOS_rc|1
TATTTACGTGTTTTCTGCGTTTTGCAGGAGAAGAAGACTTTTGAAGTGGGAGATGCTGTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7316_L1_AOS_rc|1
GTGTTTTTCTGCGTTTTGCAGGAGAAGAAGACTTTTGAAGTGGGAGATGCTGTTTCGTTTTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7309_L1_AOS_rc|1
TCTGCGTTTTGCAGGAGAAGAAGACTTTTGAAGTGGGAGATGCTGTTTCGTTTTACTGCTGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7302_L1_AOS_rc|2
TTTGCAGGAGAAGAAGACTTTTGAAGTGGGAGATGCTGTTTCGTTTTACTGCTGTAAAGTTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6656_L1_AOS_rc|1
CAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCCTCAGGAACAGGTTCCACCAAGGGTTC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6019_L1_AOS_rc|1

TGGTGTTCCTTAATTCAAGCGGAGGACATTCCCCAGCATTTTGGGTACCACATGGTGTGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6930_L1_AOS_rc|1
AGGTGCTGTACTAGATGATGAAGGTGCAGACCGTTTAGAGGCCTGTAACCTAGGACGGGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6526_L1_AOS_rc|1
TAAAAATTACTGTTTGCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGTACCTACACAAACTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6519_L1_AOS_rc|1
ACTGTTTGCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGTACCTACACAAACTGAAAAGTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6512_L1_AOS_rc|1
GCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGTACCTACACAAACTGAAAAGTTTGTGCTT
>HPV49_Beta_9627363_nt7264_L1_AOS_rc|1
TAATACCCCGTGTGGAAGCTCTAGCAGCAGAGGATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTGTA
>HPV49_Beta_9627363_nt6871_L1_AOS_rc|1
ATTCTCTAACCTTGGTACTGTTCATATTCTGTAGGTGTCTGGCCATCCGTACTTACACTAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6657_L1_AOS_rc|1
GAAATAGATGGAGCTGCCAAGAGTATTTTGGGCCTGTTGACTTGTCTGCAGGTAATATGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7072_L1_AOS_rc|1
AGGGGGCTGAGGTAGATGTAGTAGAAGCAGAGCGTTTTTTAGAGGATACAGGCGGTTTAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt6169_L1_AOS_rc|1
TTTTCTCTGCTGTCCTGACCAGGTACTGTTCCATATACAGACGAGTTTTCCACATCTTCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6833_L1_AOS_rc|1
ATGACGTAAATATTCTTTAACTTACTATTGTTCATATGGTGTGGTGTGGGCGATTGTGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6594_L1_AOS_rc|1
CTGCAATAGAAGCGCGATTAGATGAACCTGTTATATATAAATCATTTTGAACACTGTCTC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6587_L1_AOS_rc|1
AGAAGCGCGATTAGATGAACCTGTTATATATAAATCATTTTGAACACTGTCTCCAGTAGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6162_L1_AOS_rc|1
TGCTGTCCTGACCAGGTACTGTTCCATATACAGACGAGTTTTCCACATCTTCATCTTTAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6611_L1_AOS_rc|1
AATGACCCACTTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCA
>HPV9_Beta_9627396_nt6886_L1_AOS_rc|1
GGGATAAATACTTCAGCTACTAAAGGCACTTTACACAACCTGTAAGATTAATGAAATCTGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6604_L1_AOS_rc|1
CACTTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTG
>HPV9_Beta_9627396_nt6597_L1_AOS_rc|1
TGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTGCTGGCAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6590_L1_AOS_rc|1
TAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTGCTGGCAAAAAGAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6574_L1_AOS_rc|1
CTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTGCTGGCAAAAAGAAATTATGATCCTGGTTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6631_L1_AOS_rc|1
ATGTCTAATATACTCCCTAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7047_L1_AOS_rc|1
TACCTTTTAGTTTTAGCACGCTTGCGCGCTGTACCCTTAGAGGAGGAAGGGGCTGCACGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7004_L1_AOS_rc|1
AGGAAGGGGCTGCACGCTTTACAGGCCGAAGGCGCGGACGTGCACGTAGGCCAGCCTGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6623_L1_AOS_rc|1
TATACTCCCTAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6616_L1_AOS_rc|1
CCTAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAATGTTAGGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6420_L1_AOS_rc|1
GGAGTTGCAGCATAAATAGAAGTGTCAAGGTACCTGAGGATTTCTTAATGTATAAGTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6249_L1_AOS_rc|1
TCTTGAATTACTGAATTTACTAACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6800_L1_AOS_rc|1
TCTGATATTCCCTAAATTTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTTT

>HPV24_Unclassified_9628486_nt6785_L1_AOS_rc|1
ATTTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTTTCAGTGTATACACTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6242_L1_AOS_rc|1
TTACTGAATTTACTAATTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6235_L1_AOS_rc|1
ATTTACTAATTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCACACCTCTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6228_L1_AOS_rc|1
AACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCACACCTCTCAGCTACT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6221_L1_AOS_rc|1
TAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCACACCTCTCAGCTACTTCCCAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6558_L1_AOS_rc|1
TAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6653_L1_AOS_rc|1
GTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAACCAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6550_L1_AOS_rc|1
ACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6543_L1_AOS_rc|1
GCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6535_L1_AOS_rc|1
TCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTGGTTCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6507_L1_AOS_rc|2
TTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTGGTTCAGCAGTAGGGCATTTAGTAGCCATGGATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6498_L1_AOS_rc|1
ATCTGTGTCTTCTTCTGGTTCAGCAGTAGGGCATTTAGTAGCCATGGATTTGATATACCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6026_L1_AOS_rc|1
ACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6018_L1_AOS_rc|1
TCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5981_L1_AOS_rc|2
TCAGGAGTTATATAATATACTCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6294_L1_AOS_rc|1
CCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6689_L1_AOS_rc|1
GGAACTGTAGCAACAGTGTAAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6325_L1_AOS_rc|1
TCAGTATGACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6318_L1_AOS_rc|1
GACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6311_L1_AOS_rc|2
GTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6287_L1_AOS_rc|1
GTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTCTTAACACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6051_L1_AOS_rc|2
TATTGGTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCATAATTATAAACTCCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5860_L1_AOS_rc|1
CATAAGCTGATTGAATCCACTATATCTAAAGGGACCCCTGCTCTGTCCCTGTTGTAGTTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5853_L1_AOS_rc|1
TGATTGAATCCACTATATCTAAAGGGACCCCTGCTCTGTCCCTGTTGTAGTTTAGGAAAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5734_L1_AOS_rc|1
TGTATTGGAGGACACTTGCCATTATTTAAGCTGTTTTTGTACACAAGGTTCTGCTAAATCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6762_L1_AOS_rc|1
CTTTTTCCAAGAGAAAACCTGGGATAATTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6226_L1_AOS_rc|1
GAAGTAACTATAACCACCAAGGTTATTTGAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6218_L1_AOS_rc|1

TATAACCACCAAGGTTATTTTGAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6569_L1_AOS_rc|1
TACCAGGGGGCCGCTTGTTCATTCGCACCCTTAAGATAATAAGAGTCAGGCAGTGCCTCAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6511_L1_VE|1
TCTTCAGATGCACAAATGTTTAATAAGCCTTATTGGCTGCACAAAGCCCAGGGACAAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5491_L1_VE|1
AAAATTGAGATTCCTAAGGTGTCTGCATGCCAATATCGAGTGTTTAGGCTGAAATTGCCT
>HPV17_Beta_396932_nt6955_L1_VE|1
GAAGACTGGCAGTTAGGATTTGTGCCTACACCAGATAACCCAGTGCATGATATATATAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5876_L1_VE|1
ATTGTAGGATGTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGGGATATTGCTAAACCTTGTGATCCT
>HPV22_Beta_1020178_nt6593_L1_VE|1
CAACTATTCAACAGGCCTTTTTGGTTGAAGCGCGCAGGGCCATAATAATGGTATTTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6245_L1_VE|1
GAACAAATGTTTGTTCGACACTTATTTAACAGGGCTGGTGATACCGGTGATAAAATCCCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6313_L1_VE|1
GTAATTCAGGATGGTGACATGGTAGATACAGGATTTGGAGCCATGAATTTTGAGGAATTG
>HPV42_Alpha_333211_nt5847_L1_VE|1
TGGCGGCCTAGTGACAACAAGGTTTATCTACCTCCTCCTGTTTCCAAGGTGGTCAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6119_L1_VE|1
GGCCGAAGGGAACAGCTTTATGCAAGACACTTTTTTGTAGAGCTGGGACAATGGGTGAT
>HPV3_Alpha_397005_nt6328_L1_VE|1
CCTATACAAGATGGCGATATGGTGGACACAGGTTATGGTGCCATGGACTTTGGTAACTTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6678_L1_VE|1
GTGTCTGTCTGATTCTCAGTTGTTTAATAAGCCATATTGGCTGCAGCGGGCGCAGGGCCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5473_L1_VE|2
AATTCAGATAAGGAACGTTTAGTTTGGAACTTGTGGTTTGGAAGTAGGCAGAGGGGGT
>HPV92_Beta_27531786_nt5669_L1_VE|1
GTATACTTACCCCTTCAACACCGGTTGCAAGGGTACAAAGTACGGATGAATTTGTTCAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt6765_L1_VE|1
TCCTCTGATTCCCAGCTGTTTAATAAGCCTTATTGGCTACAACGGGCACAGGGCCATAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5672_L1_VE|2
GGTCTTAGAGGCATAGAAATCGGTAGGGGTCAACCATTAGGTGTGGGTATTTTCAGGCAAT
>HPV20_Beta_1020162_nt6824_L1_VE|1
TTGGTGTCTAGTGATGCTCAATTGTTTAATAGGCCATTTTGGCTGCAGCGCGCACAGGGC
>HPV37_Beta_1020226_nt5897_L1_VE|1
ATCGAGGTTCCCTAAAGTATCTGGAAATCAATACAGAGCTTTTAGGGTTAGGTTGCCAGAT
>HPV36_Beta_1020218_nt6792_L1_VE|1
GCCATGTATTACCCAACCTGTTAGTGGCTCATTTGGTGTCTAGTGATGCTCAATTGTTTAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5489_L1_VE|1
GAAAGACTTTTAACTGTAGGCCATCCTTATTTCCCAGTGAAAGATGTAGGTGAACCTAAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6086_L1_VE|1
GCTGGGGACACTGACAGTAGGGATAATGTTTCTGTGGATTATAAAACAAACACAGCTGTTA
>HPV40_Alpha_397014_nt6530_L1_VE|1
GAACAAATGTTTGTAGGCACTTTTTTAATAGGGCAGGTACTACTGGTGATAGTGTCCCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5621_L1_VE|1
ATGTCTCTCTGGCTTCCTGCAAGTGGTAAGGTATATTTGCCACCATCAACTCCAGTAGCT
>HPV56_Alpha_397053_nt5793_L1_VE|1
GCATATCAATATAGGGTATTTAGGGTACGGTTGCCCGACCCTAATAAGTTTGGGCTTCCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6371_L1_VE|1
AGAAGGGAACAGTGCTATGCAAGACATTATTTTACCAGAGGAGGTAATGTTGGAGACGCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6065_L1_VE|1
ACCCCTATACAGGATGGTGATATGATAGATGTTGGCTTTGGAGCCATGGATTTTAAAGCT
>HPV59_Alpha_557236_nt5697_L1_VE|1
ACCAGTATTTTCTACCACGCAGGCAGTTCAGACTTCTTACAGTTGGACATCCATATTTT

>HPV88_Gamma_167600365_nt6061_L1_VE|1
TTTGGAACACGTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAATGGGA
>HPV52_Alpha_397038_nt6586_L1_VE|1
CCGTACTGGTTACAACGTGCGCAGGGCCACAATAATGGCATATGTTGGGGCAATCAGTTG
>HPV10_Alpha_9627257_nt5860_L1_VE|1
CTGCCTCCCCTCCCGTGTCTAAAGTTCTCAGCACGGACGACTATGTGACACGCACCAAC
>HPV33_Alpha_333049_nt5805_L1_VE|1
TATAGGGTTTTTAGGGTCCGTTTACCAGATCCTAATAAATTTGGATTTCCCTGACACCTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5533_L1_VE|1
CCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCTTTACTAAATAAGATAGGGGACACAGAAAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6563_L1_VE|1
GTTAGTGGTTCTTTAGTAACCTCTGATGCCCACTATTCAACAGGCCTTTTTGGTTGAAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5611_L1_VE|1
ATGGCTTTGTGGCGTTCTAGTGACAGCAAGGTATACCTTCCACCACCTTCAGTGGCTAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5877_L1_VE|1
CCTCCTCCTCCTGTTTCCAAGGTGGTCAGCACTGATGAATATGTGCAACGCACCAACTAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6735_L1_VE|1
TATGCCCTACACCTAGTGGGTCTATGGTATCCTCTGATTCCCAGCTGTTTAATAAGCCT
>HPV2_Alpha_9626032_nt5773_L1_VE|1
TCCACTATTCTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAATGAAAGCAAGGTATACCTACCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6003_L1_VE|1
TATAGGGTGTTTAGGGTACGTTTGCCTGATCCCAATAAGTTTGGCCTTCCTGATGCATCG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6159_L1_VE|1
TCCAGCATTATTGAGGATGGCGATATGATTGATACAGGCTTTGGAGCTATGGATTTTACT
>HPV33_Alpha_333049_nt5655_L1_VE|1
GTTGTCAGCACTGATGAATATGTGTCTCGCACAAGCATTTATTATTATGCTGGTAGTTCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5990_L1_VE|1
CAATATAGGGTATTTAGGGTTTCGTTTGCCTGATCCCAACAAATTTGGCCTTCCTGATGCA
>HPV45_Alpha_397022_nt6551_L1_VE|1
TGGTTACATAAGGCCAGGGCCATAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAGTTGTTTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5667_L1_VE|2
CGTTTGCTTACTGTTGGACATCCATTTTACAATATTACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTG
>HPV33_Alpha_333049_nt6555_L1_VE|1
AATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGGTATTTGTTACTGTGGTAGATACCACTCGCAGTACT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6791_L1_VE|2
TCACTGCAACCTGATGTGCTAGCCCAGATCAATGCAATGAATTCAGGTATATTAGAAGAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5979_L1_VE|1
CCTAAAGTGCTGGACATCAATACAGAGTGTTTAGAGTACGCTTGCCCGACCCTAATAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6744_L1_VE|1
TACTGGCTACAGCAGGCCAGGGACACAACAATGGTATATGCTGGGCCAATCAGGTATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6433_L1_VE|2
AGAATATTAGAGGAGTGGCAATTAGCTTTTGTTCACCAGCTCCAACGGGCATTGAAGAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6668_L1_VE|1
GATTCCCAGTTATTTAATAAGCCTTATTGGCTGCACCGTGCACAGGGCCATAATAATGGT
>HPV44_Alpha_1020242_nt6265_L1_VE|1
GTAATTGAGGATGGTGATATGGTGGACACTGGTTTTGGAGCCATGAATTTGCTGAATTG
>HPV19_Beta_396940_nt6765_L1_VE|1
GCCATGTATTTCCCAACTGTTAGTGGCTCATTAGTATCCAGTGATGCTCAATTGTTTAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5036_L1_VE|1
GAAACGTCTATTTCTTCCATGCCTCCAGCGACCGCTGCTTACTGTAGGACACCCATAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5525_L1_VE|1
CTGCCCCCTGTGTCTGTGTCTAAGGTTGTAAGCACAGATGAATATGTAACAAGAACAAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5787_L1_VE|1
GATGTTCCCTAAGGTGTCTGCATATCAATACAGAGTATTTAGGGTTAAGTTACCTGATCCC
>HPV52_Alpha_397038_nt5956_L1_VE|1

TGTACAGGCTTGGAATTGGTAGGGGACAGCCTTTAGGTGTGGGTATTAGTGGGCATCCT
>HPV35_Alpha_333050_nt5635_L1_VE|1
GTTGTTAGCACTGATGAATATGTAACACGCACAAACATCTACTATCATGCAGGCAGTTCT
>HPV58_Alpha_222386_nt5956_L1_VE|1
GGCCTTGAAATAGGTAGGGGACAGCCATTGGGTGTTGGCGTAAGTGGTCATCCTTATTTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5686_L1_VE|1
CCTGTGCCTGTGTCTAAGGTTGTAAGCACTGATGAATATGTGTCACGCACAAGCATTTAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6601_L1_VE|1
TTTAATAGGCCCTTCTGGCTCCAACGCGCACAAAGGTCATAATAATGGTATTTGTTGGGCA
>HPV58_Alpha_222386_nt5716_L1_VE|1
GATGAATATGTGTCACGCACAAGCATTTATTATTATGCTGGCAGTTCCAGACTTTTGGCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6472_L1_VE|1
CCTTACTGGTTACAGCGTGCCAGGGTCATAATAATGGCATTGTTGGGGCAACCAATTG
>HPV93_Beta_37089393_nt5671_L1_VE|1
GTATATTTGCCACCTTCAACACCAGTTGCCAGAGTACAAAGCACGGATGAATATGTACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5637_L1_VE|1
ACCAGTACTTTCCTCCATGCTGCCACTGACCGTTTGCTTACTGTTGGACATCCATTTTAC
>HPV38_Beta_1020234_nt6412_L1_VE|1
CGACGGGAGCAATGCTATGCCAGACATTATTTTTCGAGGTGGTGCAGTGGGTGACGCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6704_L1_VE|1
CAACTGTTTAATAAGCCTTACTGGCTTCAACGGGCCAGGGACACAATAATGGCATTGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6407_L1_VE|1
CAGTTGTTTAATAAGCCATATTGGTTGCATAGGGGCCAGGGCCATAACAATGGTATTTGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt6400_L1_VE|1
CCTATTACAGGATGGTGATATGGTGGACACTGGCTATGGGGCCATGGACTTTACTGCTTTA
>HPV38_Beta_1020234_nt5722_L1_VE|1
CGCGTTCAAAGCACGGATGAATATGTGGAACGAACAGACATCTATTACCATGCAACTAGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6521_L1_VE|1
CCTACTGTAGTGGTTCTCTAGTCTCTTCAGATGCTCAGTTATTTAATAGGCCTTTTGG
>HPV58_Alpha_222386_nt6586_L1_VE|1
CGTGCACAAGGTCATAACAATGGCATTGCTGGGGCAATCAGTTATTTGTTACCGTGGTT
>HPV42_Alpha_333211_nt6147_L1_VE|1
CTAGAAGTAGGTCGTGGACAGCCTTTGGGCGTTGGTATTAGTGGCCATCCATTATTGAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5847_L1_VE|1
ATTCGTGGGATTGAGGTTTCTAGGGGACAGCCCTTAGGTATTGGTGTAACAGGGAACCCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5562_L1_VE|1
CCTTTAGGTGTTGGATCTACTGGTCATCCCTTGTTTAATAAGGTTGGAGACACAGAAAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5066_L1_VE|1
GACCGCTGCTTACTGTAGGACACCCATATTTTCCAATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACA
>HPV52_Alpha_397038_nt5716_L1_VE|1
GATGAGTATGTGTCTCGCACAAAGCATCTATTATTATGCAGGCAGTTCTCGATTACTAACA
>HPV92_Beta_27531786_nt6599_L1_VE|1
CCATATTGGTTACAAAGAGCACAAAGGCCACAACAATGGTATTTGCTGGAGTAATGAACTG
>HPV92_Beta_27531786_nt6569_L1_VE|1
GTATCCACTGATGCACAATTATTTAATCGGCCATATTGGTTACAAAGAGCACAAAGGCCAC
>HPV21_Beta_1020170_nt6830_L1_VE|1
GGTAACTCCATGTATTTCCCAACTGTCAGTGGCTCATTGGTGTCTAGTGACGCTCAATTG
>HPV9_Beta_9627396_nt5776_L1_VE|1
GTATATTGCCACCAGCAACACCAGTGGCGAGAGTTCAAAGCACCGATGAATATGTGGAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6443_L1_VE|1
GTTATTACAGGATGGTGATATGGCAGATGTAGGGTTTGAGCAATGGACTTTAGTGCTTTG
>HPV76_Beta_2911551_nt5830_L1_VE|1
AAGGTTTATCTTCCACCATCAACACCTGTGGCCAGGGTTCAAAGCACGGATGAATACATT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6077_L1_VE|1
TTGGAGGATGGCGATATGGTAGATACAGGTTATGGTGCCATGGACTTTAGTACATTACAG

>HPV1_Mu_9626063_nt6014_L1_VE|1
GATGGTGACATGATGGATATTGGTTTTGGGGCTATGGATTTTGCTGCTTTACAGCAAGAC
>HPV11_Alpha_333026_nt6702_L1_VE|1
CAAAAGGCTCAGGGACATAACAATGGTATTGCTGGGGAAACCACTTGTTTGTACTGTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6608_L1_VE|1
GGCATATGCTGGGGTAATCAGGTATTTGTTACTGTTGTGGATACTACCAGAAGCACCAAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6421_L1_VE|1
AATAAGCCTTATTGGTTGCAAAAGGCCAGGGACAAAACAATGGCATTGCTGGCATAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6749_L1_VE|1
TGGTTGAAACGTGCACAAGGCCACAATAATGGTATTCTATGGGGAAACCAAATGTTTGT
>HPV65_Gamma_312100_nt5447_L1_VE|1
GAAAGGCTTTTAACTGTAGGCCATCCTTATTTCCAGTGAAAGATGTGCAGGATCAACAC
>HPV30_Alpha_396973_nt6592_L1_VE|1
CAACGCGCACAGGGACACAATAATGGCATTTGTTGGGGCAACCAGGTATTTGTTACTGTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6181_L1_VE|1
ATATGTAAATATCCAGATTATCTAGGCATGGCCGCAGATCCCTATGGCGATTCTATGTGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5921_L1_VE|1
CAGCCATTGGGCGTTGGCGTTAGTGGACATCCTTTATATAATAGATTGGATGATACTGAA
>HPV58_Alpha_222386_nt6616_L1_VE|1
TGGGGCAATCAGTTATTTGTTACCGTGGTTGATACCACTCGTAGCACTAATATGACATTA
>HPV96_Beta_50253426_nt5917_L1_VE|1
GCCAGGGTGCAAAGCACGGACTCCTACATACAAAGAACAACATCTATTATCATGCTAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6187_L1_VE|1
GGTCGTGGACAGCCATTAGGTGTAGGTACATCAGGACATCCATTATTTAACAAGGTGAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt5842_L1_VE|1
AAGGTATATCTACCACCTTCAACACCTGTGGCAAGGGTACAAAGCACGGATGAATACATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5872_L1_VE|1
TGTGTTGGTGTGTAAGTAGGTAGGGGTGAGCCGTTAGGTGTTGGCCTTAGTGGTCATCCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6462_L1_VE|1
ATGGACCCCAGAATTTTGAAAAATTGGCAATTAGCTTATGTTCCACCAGCTCCCAGTGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5546_L1_VE|1
TGTGATATTGGCTTTGGTGCAATGAATTTTGCTACATTGCAGGAGGACCATTCAGGTGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6526_L1_VE|1
GCTACACCTAGTGGGTCTATGATAACTTCAGAGGCTCAATTGTTTAATAAGCCATATTGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6521_L1_VE|1
TTGCATAAGGCCAGGGACACAATAATGGCATTGTTGGCATAACCAGTTGTTTATTACT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5731_L1_VE|1
CGTTTTGCCAGATCCCAATAAATTTGGGTTCAGATGCATCTTTTTATAATCCTGACAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt5887_L1_VE|1
AAGGTCTATTTACCACCATCAACACCAGTTGCCAGGGTGCAAAGCACGGACTCCTACATA
>HPV17_Beta_396932_nt5755_L1_VE|1
GTATACTTGCTCCAACACCACCAGTAGCCCGAGTACAAAGCACGGATGAGTATGTGGAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6142_L1_VE|1
TCTACTGTCATTGAGGATGGCGATATGGTGGACACTGGTTTTGGGGCCATGGATTTTGCT
>HPV37_Beta_1020226_nt5987_L1_VE|1
GTATATAATCCAGAAAAGGAAAGGTTGGTGTGGGCCTGTGCGGGCTTGAGATAGGCCGA
>HPV9_Beta_9627396_nt6676_L1_VE|1
ACTTCAGATGCTCAATTGTTTAAATAGGCCATTTTGGCTCCAAGAGCACAAAGTCAACAAC
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt6882_L1_VE|1
AGGCCCTTCTGGCTGCAAAGAGCACAGGGTCATAATAATGGCATTCTGTGGGCTAATCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5807_L1_VE|1
CTAAACGTGTCCACTATTTTTTTGTCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAGCAAGGTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt6596_L1_VE|1
AATAAGCCATACTGGTTGCAAAAGGCCAGGGTCATAACAATGGTATATGCTGGTTTAAT
>HPV80_Beta_2911565_nt5749_L1_VE|1

GTGTATTTACCACCAACACCACCTGTAGCACGTGTACAAAGCACCGATGAATATGTGGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5417_L1_VE|1
GGAACATCTCTTTATTTCCACGCTGGAACAGAAAGGCTTTTAACTGTAGGCCATCCTTAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6432_L1_VE|1
ATTTGTGGAAGTGTCTGCAAATATCCTGATTATTTGCAAATGGCTGCAGACCCTTATGGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6024_L1_VE|1
GCTATGGATTATAAGCAAACACAGTTATGCATGGTAGGCTGTGCTCCCCCGTTGGGTGAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6483_L1_VE|1
CCATATTGGATGCAACGTGCTCAGGGACACAATAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5608_L1_VE|1
GTGTCCTCTGTTATTCAGGATGGGGATATGTGTGATATTGGCTTTGGTGCCATGAATTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt6406_L1_VE|1
CGTGAGCAAATGTTTGTAGACACTTTTTTAATAGGGCCGGTACCTTAGGTGACCCTGTG
>HPV22_Beta_1020178_nt6143_L1_VE|1
TGTATACCGTGTTTAGGTGAATATTGGGATAAAGCTCCTGTTTGTGAAGATGCAGGCAGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6673_L1_VE|1
AAGCCCTACTGGCTGCATCGTGCCAGGGACATAAATGGCATTGTGTTGTTAATGAG
>HPV28_Alpha_1020202_nt6311_L1_VE|1
ACTGCCCCCTATTCAGGATGGTGATATGGTGACACTGGCTTTGGTGCAATGGACTTTGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5431_L1_VE|1
GATCGTCTGTTAACAGTAGACCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6586_L1_VE|1
CTGCAACGTGCCAGGGACATAAATAGGCATCTGTTGGAACAATCAGTTATTTGTAAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6472_L1_VE|1
ACCTCTGATTCTCAGATTTTTAATAAGCCTTATTGGTTGCATCGCGCCAGGGCCACAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6539_L1_VE|1
AGGAGAGAACAATGTTATGCTAGACATTATTTCACTAGAGGAGGAGCTGTGGGTGATGCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5778_L1_VE|1
ATGGCTATGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTATACCTGCCTCCCACTCCTGTTTCTAAG
>HPV8_Beta_333074_nt6812_L1_VE|1
CCTTTCTGGCTGCAGCGTGCCAGGGTCATAAATGGCATTCTCTGGGCTAATCAAATG
>HPV17_Beta_396932_nt5935_L1_VE|1
TATAGAGCCTTCAGAGTCACATTACCAGATCCTAATAAGTTTGCCTTGGCAGATATGTCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6491_L1_VE|1
GATTCCCAGTTGTTTAATAAGCCCTATTGGTTGCATAAGGCCAGGGACACAATAATGGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6316_L1_VE|1
TATAAACAACACAGCTATGTATTGTTGGCTGTACACCTCCCATGGGCGAATATTGGGGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6328_L1_VE|1
GAAGTTATACAGGATGGTGACATGGTAGATACAGGATTTGGTGCAATGGATTTTGCTTCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6698_L1_VE|1
CTGCACCGTGCACAGGGCCATAAATGGTATTTGTTGGTTTAATGAGTTGTTTGTACT
>HPV17_Beta_396932_nt6145_L1_VE|1
ACTGATGATAGACAAAACACGTCAATTTGACCCTAACAAGTGCAGATGTTTGTGTAGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6752_L1_VE|2
TCGGAGCAGCTTGATCAATTTCTTTAGGCCGCAAATTTTTGTATCAAAGTGGTCTTGCA
>HPV3_Alpha_397005_nt5818_L1_VE|1
AGCACGGACGACTATGTGACACGCACCAACATTTATTATTATGCAGGCAGTTCTCGCTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5466_L1_VE|1
GAAAGGCTTTTAACTGTAGGCCATCCTATTTTCCAGTGAAAGATGTACAGGAACCTCAC
>HPV12_Beta_396910_nt6805_L1_VE|1
AGGCCCTTCTGGCTTCAAAGAGCACAGGGTCATAAATGGCATCCTGTGGGCTAATCAG
>HPV37_Beta_1020226_nt6467_L1_VE|1
GCTAGGAGAGAACAATGTTATGCCAGACATTATTTTGTAAAGAGGGGAAATGTAGGTGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5773_L1_VE|1
GTTATTCAGGATGGTGATATGGGAGATATAGGCTTTGGGGCTGCTAATTTTCCTAAGTTG

>HPV28_Alpha_1020202_nt6671_L1_VE|1
TATTGGCTGCGGCGTGCTCAGGGACACAATAATGGTATCTGTTGGGCCAACCAATTGTTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6578_L1_VE|1
TGGTTGCAACGTGCACAGGGCCATAATAATGGCATATGCTGGGGTAATCAGGTATTTGTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5436_L1_VE|1
GGAACATCTCTGTATTTCCACGCTGGTACAGAAAGGCTTTTAACTGTAGGCCATCCTTAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6515_L1_VE|1
TTTAATAAGCCATACTGGTTACAACGGGCCCAGGGTCAAAACAATGGTATTTGTTGGGGC
>HPV39_Alpha_333245_nt6574_L1_VE|1
TGGCTACATAAGGCCCAGGGCCACAACAATGGTATATGTTGGCATAATCAATTATTTCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt6623_L1_VE|1
CGCGCGCAGGGCCATAATAATGGTATTTTGTGGAACAACCAAATGTTTGTAAACAGTAGCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5650_L1_VE|1
TACCTGCCTCCTGTGCCTGTATCTAAGGTTGTAAGCACTGATGAATATGTGTCACGCACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6665_L1_VE|1
GTGTCTCTGTATTCCCAATTATTTAATAAGCCATATTGGCTGCAACGTGCCCAGGGCCAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6566_L1_VE|1
TCTATGGTGTCTCGGATTCCCAATTGTTTAAATAAGCCATACTGGTTGCAAAAGGCCAG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6438_L1_VE|1
TTGGATATATGCACCTCCACATGTAAATATCTTGACTATTTGCAAATGGCTGCAGAACCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5638_L1_VE|1
TGTGATATTGGCTTTGGTGCCATGAATTTTGCTGCCTTGCAGGCTGATCACTCAGGGGTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6544_L1_VE|1
TCTGATTCCCAAGTTATTTAATAAGCCTTATTGGCTACATAAGGCCCAGGGCCACAACAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6553_L1_VE|1
TCAGATGCGCAGCTATTTAATAGACCATTTTGGTTGCAACGTGCACAAGGCCACAACAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5669_L1_VE|1
GGCATTCCCTAAGGTGTCTGCATATCAATACAGAGTGTTTAGGGTTACCTTACCTGATCCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6753_L1_VE|1
GGCCCTAACCAATGGTATCTGCTGGGGTAATCAGCTTTTTTGTAACTGTGGTTGATACTACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5765_L1_VE|1
ATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTATACCTGCCTCCCCTCCTGTGTCTAAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6549_L1_VE|1
GAACAAATGTTTGTAGGCACTTTTTTAATAGGGCAGGAAGTACTGGAGACAGTGTTCCT
>HPV93_Beta_37089393_nt6391_L1_VE|1
TTTGCTCGCAGAGAGCAATGTTATGCCAGACACTTTTTTTGTAAAGAGGTGGCAACGTAGGA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5761_L1_VE|1
CCAGATGCATCTTTTTATAATCCTGACAAGGAGCGGTTGGTTTGGGCCTGTGCAGGCGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6358_L1_VE|1
GCAGAGCCTCCTAAGGAAAAGGAAGATCCATATGACAAAATGTCTTTTTGGGTGGTTGAT
>HPV51_Alpha_333087_nt6092_L1_VE|1
TCCTCTGTCAATCAGGATGGCGATATGATTGATACAGGGTTTGGAGCTATGGATTTTCGCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5764_L1_VE|1
AACGTGTGCCCTATTCTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTATAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6507_L1_VE|1
CCCTTTTGGCTGCAGAGATCCCAGGGCCATAACAATGGCATACTGTGGCACAACGAGGCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5589_L1_VE|1
ATGGCTTTGTGGCGTACTAGTGACAGCAAGGTATATCTTCTCCCACCCCTGTGTCTCGG
>HPV11_Alpha_333026_nt6342_L1_VE|1
GTTATACAGGATGGGGACATGGTTGATACAGGCTTTGGTGCTATGAATTTTGCAGACTTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6721_L1_VE|1
AAAGCCCAGGGACATAACAATGGTATTTGTTGGGGTAATCAACTGTTTGTACTGTGGTA
>HPV57_Alpha_60882_nt5734_L1_VE|1
TGCATATTTCTTTGCAGATGGCTATGTGGCGGCCTAATGAAAGCAAGGTATACCTGCCT
>HPV110_Beta_186461194_nt6007_L1_VE|1

GGGCAACCTTTAGGGGTAGGTACCAGTGGTCATCCCTTATTTAATAAAGTTAGAGATACT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6185_L1_VE|1
GATTATTTAGGCATGGCTGCTGATCCCTATGGTGATTCCATGTGGTTTTATCTTCGTAGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6313_L1_VE|1
GTAAATTCTACTATACAGGATGGCGACATGGTGGAACAGGCTATGGTGCCATGGATTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt6616_L1_VE|1
AATAATGGCATATGTTGGGGCAATCAGTTGTTTGTACAGTTGTGGATACCACTCGTAGC
>HPV110_Beta_186461194_nt5887_L1_VE|1
TACAGAGCATTCGGGTGCAATTGCCTGATCCCTAATAGGTTTGCATTAGCAGACATGTCT
>HPV3_Alpha_397005_nt6688_L1_VE|1
TATTGGCTGCGGCGTGCTCAGGGACACAATAATGGTATATGTTGGGCCAACCAATTGTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6101_L1_VE|1
TGTACACCATGTTTAGGAGAATACTGGGATAAAGCTGAGCCATGTGAAAATGCAGGAGAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5818_L1_VE|1
GTGAGCACAGATGAATATGTGCAACGCACCAACTTATTTTATTATGCTGGCAGTTCACGT
>HPV9_Beta_9627396_nt6496_L1_VE|1
GCAAGAAGAGAACAATGTTATGCCAGGCATTATTATGTTAGAGGAGGTTCA GTTGGTGAC
>HPV38_Beta_1020234_nt5782_L1_VE|1
GATCGCCTATTAACAGTAGGCCATCCATATTTTGATGTCAGATCACAGGATGGTCAAAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5846_L1_VE|2
TACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAGTGATTCTCAGTTGTTTGGCAGACCA
>HPV44_Alpha_1020242_nt6625_L1_VE|1
AAGGCGCAGGGCCACAATAATGGTATTTGTTGGGGAAATCAGTTATTTGTTACTGTTGTA
>HPV56_Alpha_397053_nt6513_L1_VE|1
TTTAATAAACCTTATTGGTTGCAACGTGCCCAAGGCCATAATAATGGCATTGCTGGGGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt5656_L1_VE|1
ATGGCGGTGTGGCGGCCTAGTGACAGCAAGGTTTATCTGCCTCCTACCCCTGTATCAAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6686_L1_VE|2
ATGTCTCAGGCAACAATGTGTCCAACAGATGTTCTAATACTGAAAGGGAAGACCCTTAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6389_L1_VE|1
TCCTCTGACTCCCAGTTATTTAACAAGCCCTATTGGCTGCACAAGGCACAGGGACACAAC
>HPV14D_Beta_396918_nt6504_L1_VE|1
GGCAATGCCATGTATTTCCCAACTGTCAGTGGCTCATTGGTATCCAGTGATGCTCAACTG
>HPV38_Beta_1020234_nt5692_L1_VE|1
ATATACTTGCCACCAACACCTCCAGTTGCGCGCGTTCAAAGCACGGATGAATATGTGGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt5781_L1_VE|1
GATCGATTACTAACTGTAGGCCACCCATATTTTGATGTTAGATCACCGGATGGTAGTAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6475_L1_VE|1
GTAACCTCCGATGCACAAATATTTAATAAACCATATTGGTTGCAACGTGCACAAGGCCAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6064_L1_VE|1
GACAGTAGGGATAATGTGTCTGTGGATTATAAACAGACACAGTTGTGCATTATAGGCTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt6543_L1_VE|1
TTTGTTACTGTGGTAGATACCACACGTAGTACCAATATGTCTGTTTGTGCTGCAATTGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt6057_L1_VE|1
TATAAACAAACTCAGCTGTGTATTATTGGCTGTGTACCTGCCATTGGAGAACACTGGACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6266_L1_VE|2
CTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCTTCTAGTGATAATCAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6545_L1_VE|1
CAGGGTCAAAACAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGGTGTTTTTAACAGTTGTAGATACC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6174_L1_VE|1
GGTGATATGGTAGATACAGGCTTTGGTGCCATGAATTTTGCTGAATTGCAGCCTCTTAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5777_L1_VE|1
GATCCAAAACAGACACAAATGTTTATCATAGGTTGCACTCCTGCTATTGGGGAACATTGG
>HPV51_Alpha_333087_nt6452_L1_VE|1
TATTGGCTCCACCGTGCGCAGGGTCACAATAATGGCATTGCTGGAACAATCAGCTTTTT

>HPV40_Alpha_397014_nt5960_L1_VE|1
CCTAAGGTTTCTGGACATCAATACAGGGTATTTAGGGTACGTTTGCCTGACCCGAATAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6621_L1_VE|1
CGTGCTCAAGGCCATAACAATGGTATTTTATGGAACAACCAGATGTTTGTGACTGTAGCA
>HPV3_Alpha_397005_nt6718_L1_VE|1
AATGGTATATGTTGGGCCAACCAATTGTTTGTGACTGTGGTGGATACCACACGTAGTACT
>HPV37_Beta_1020226_nt5747_L1_VE|1
GTATACTTGCCCTCCAACACCACCAGTAGCCCGGGTGCAAAGCACGGATGATTATGTGGAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6343_L1_VE|1
GTCTATGGGGACGCTTGTTTCTTTTTTGCCAGAAGGGAGCAATGTTATGCCAGACATTAC
>HPV25_Beta_396948_nt6790_L1_VE|1
AACTCAATGTATTTCCCAACAGTCAGTGGCTCATTTGGTATCCAGTGATGCTCAATTATTC
>HPV21_Beta_1020170_nt5960_L1_VE|1
GTTTACCTTCCACCGTCTACACCAGTTGCCAGGGTCCAAAGCACGGATGAATATGTACAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5486_L1_VE|1
GATATGGGTGCATGTCCTCCTTTAGAGCTTGTTAGTTCCATTATTGAGGATGGGGATATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6236_L1_VE|2
GCACCACAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6489_L1_VE|1
ACTTCGGATGCACAACCTATTTAATAAGCCATACCTGGTTACAACGTGCACAGGGTCATAAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6556_L1_VE|1
GAGGCTCAATTGTTTAATAAGCCATATTGGCTGCAACGTGCCCAGGGACATAATAATGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt5714_L1_VE|1
AGATTAGTTTGGGGCCTAAGAGGGATAGAGATAGGTAGAGGCCAGCCTTTAGGTATAGGA
>HPV40_Alpha_397014_nt6350_L1_VE|1
GAGGTTATTTCAGGATGGCGACATGGTGGATACTGGCTTTGGTGCTATGGATTTTGCTTCC
>HPV51_Alpha_333087_nt5972_L1_VE|1
AAACAGACTCAGTTATGTATAATAGGCTGTGCTCCACCTATTGGGGAACACTGGGGTATT
>HPV1_Mu_9626063_nt5984_L1_VE|1
AGGGTGCAAATGATAGAGTCTGTGCATAGAAGATGGTGACATGATGGATATTGGTTTTGGG
>HPV40_Alpha_397014_nt6380_L1_VE|1
ACTGGCTTTGGTGCTATGGATTTTGCTTCTTGCAGGCCAATAAAAGTGATGTGCCATTG
>HPV25_Beta_396948_nt6820_L1_VE|1
TCATTGGTATCCAGTGATGCTCAATTATTCAATAGGCCATTTTGGTTACAGCGAGCACAA
>HPV56_Alpha_397053_nt6483_L1_VE|1
GGGTCTATGATTACGTCTGAGGCACAGTTATTTAATAAACCTTATTGGTTGCAACGTGCC
>HPV65_Gamma_312100_nt5807_L1_VE|1
GGTTGCACTCCTGCTATTGGGGAACATTGGGATAAGGCTGAGCCTTGTGCAAGTCCTGTT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6443_L1_VE|1
GTTTGCAAGTATCCTGACTATTTGCAAATGGCTGCTGAGCCCTATGGCGATTGCATGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6133_L1_VE|1
TTATTTAATAGGCCTTATTGGCTTAGACGAGCCAGGGAACAAATAATGGCATTGTGTTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6869_L1_VE|1
TTGGAGGACTGGCAGTTAGGATTTGTTCTTACTCCAGATAACCCTATTCAGGATGCATAC
>HPV58_Alpha_222386_nt6226_L1_VE|1
ATTGAGGATGGTGACATGGTAGATACAGGGTTTGGATGCATGGACTTTGGTACATTGCAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6275_L1_VE|1
GCTACCTCAATTTGTAAATATCCTGATTACCTTAAATGGCTGCAGAGGCATATGGGGAC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6730_L1_VE|1
GCTCAATTGTTTAATAAGCCATATTGGCTGCGGCGGGCCAGGGGCACAACAATGGTATA
>HPV80_Beta_2911565_nt6469_L1_VE|1
GCAAGACGAGAGCAATGTTATGCTAGACATTATTTTGTAGAGGAGGTGCAGTAGGCGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt5969_L1_VE|1
CGAGGGCAGCCTTTAGGTGTTGGCACACAGGTCATCCATTATTTAATAAGGTATTGGAC
>HPV33_Alpha_333049_nt6345_L1_VE|1

CGACGTGAACAAATGTTTGTAAAGACACTTTTTTAATAGGGCTGGTACATTAGGAGAGGCT
>HPV10_Alpha_9627257_nt6700_L1_VE|1
ACACCCAGTGGGTCCATGGTAACGTCTGAGGCTCAATTGTTTAATAAGCCATATTGGCTG
>HPV38_Beta_1020234_nt6112_L1_VE|1
CCTAAACAGGTGCAAATGTTTATAATAGGCTGCACTCCTTGTCTAGGAGAATACTGGGAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt5648_L1_VE|1
ATGGCGATGTGGCGGCCTAGTGACAATAAGGTGTACCTACCTCCAACACCTGTTTCAAAG
>HPV30_Alpha_396973_nt6562_L1_VE|1
GCTCAGTTGTTTAATAAACCTTACTGGTTGCAACGCGCACAGGGACACAATAATGGCATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6803_L1_VE|1
TATTGGTTACAGCAGGCACAAGGCCACAATAATGGTATATGTTGGGGTAATCAAGTGTTT
>HPV2_Alpha_9626032_nt6853_L1_VE|1
AAGGAATATCTCAGGCATATGGAGGAATATGATTTGCAGTTCATCTTCCAACCTGTGCAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6580_L1_VE|1
CGAGCACAGGGCCACAATAATGGCATTGTTGGGGTAACCAACTATTTGTTACTGTTGTT
>HPV5_Beta_9627145_nt6668_L1_VE|1
CGTAGGGAGCAATGTTATGCCAGACACTTTTTTGTAGAGGGGGAAAACTGGTGATGAC
>HPV30_Alpha_396973_nt6532_L1_VE|1
ACTCCTAGTGGGTCTATGGTAACCTCTGAGGCTCAGTTGTTTAATAAACCTTACTGGTTG
>HPV80_Beta_2911565_nt6019_L1_VE|1
TGGGCCTGTGCAGGCCTAGAAATAGGCAGAGGACAACCATTAGGTGTAGGCACATCAGGC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5973_L1_VE|1
ATAGTGGTTCCCAAGGTGTCTGGATATCAATATAGGGTGTTTAGGGTACGTTTGCCTGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5532_L1_VE|1
CTAGTAGGTATAGAAGTCGGGAGAGGTGGGCCTTTAGGTGTTGGATCTACTGGTCATCCC
>HPV111_Beta_186461202_nt6373_L1_VE|1
AGAAGGGAGCAATGTTATGCCAGACATTACTTTGTTAGAGGAGGCAATGTAGGAGATGCA
>HPV29_Alpha_1020210_nt5874_L1_VE|1
GTTATCAGCACGGACGACTATGTGACACGCACAAATATTTATTATTATGCAGGCAGTTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt5721_L1_VE|1
CGAGTGCAGAGTACGGATGAATATGTGGAAGAAGTACATCTATTACCATGCAACTAGT
>HPV42_Alpha_333211_nt5817_L1_VE|1
CTGTACCATATTTTTTTGCAGATGTCCGTGTGGCGGCCTAGTGACAACAAGGTTTATCTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6817_L1_VE|1
CCTTTTTGGCTGCAAAGGGCTCAAGGCCATAATAATGGTATTTGCTGGGGTAATCAAATC
>HPV33_Alpha_333049_nt5925_L1_VE|1
GGGCAGCCATTAGGCGTTGGCATAAGTGGTCATCCTTTATTAAACAAATTTGATGACACT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6043_L1_VE|1
GGTTTAGAGGTTGGTAGGGGTCAACCTTAGGTGTTGGTATTAGTGGTCATCCATTATTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6502_L1_VE|1
AATAATGGCATTGTTGGGGCAACCAATTGTTTGTACTTGTGTAGATACTACCCGCAGT
>HPV15_Beta_396924_nt5734_L1_VE|1
GTATATTTGCCACCAACACCACCTGTAGCACGTGTACAAAGCACCGATGAATATGTGGAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5796_L1_VE|1
GACCCAAAACAAACACAGATGTTTATTATAGGTTGCACTCCTGCAATAGGTGAACATTGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6442_L1_VE|1
GTGACCTCTGATGCTCAATTGTTTAATAAACCTTACTGGTTACAGCGTGCCAGGGTCAT
>HPV33_Alpha_333049_nt5625_L1_VE|1
GTGTACCTGCCTCCTGTACCTGTATCTAAAGTTGTGTCAGCACTGATGAATATGTGTCTCGC
>HPV23_Beta_1020186_nt6891_L1_VE|1
GGGTTTGTTCCTACACCAGATAATGCAGTTCATGACACATACAGATATTTGGCTTCAAAG
>HPV27_Alpha_396964_nt6668_L1_VE|1
TTGTTTAATAAGCCCTACTGGCTACGGAGGGCCAGGGACATAATAATGGTATGTGCTGG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6625_L1_VE|1
AGGGCGCAGGGCCACAATAATGGTATTTGTTGGGGGAATCAGTTATTTGTTACTGTTGTA

>HPV61_Alpha_9628574_nt6635_L1_VE|1
ATTTATTCCCTACGCCTAGTGGCTCTATGGTGTCTCTGATTCCCAATTATTTAATAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6721_L1_VE|1
TTTAGCTTAGGTGCGAAATTTTGTTCAAAGTGGTTTGCTGCCCACAAAACGTGTCAGG
>HPV14D_Beta_396918_nt6564_L1_VE|1
TTCAATAGACCATTTTGGTTACAGCGCGCACAAAGGCCACAATAATGGTATTTGTTGGTTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6464_L1_VE|1
GGTATTTGTAAATATCCTGATTATTTACAAATGGCGGCTGAGCCCTACGGAGACTGTATG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6708_L1_VE|1
CCATATTGGCTGCAGCGGGCGCAGGGCCATAATAATGGTATTTGTTGGTTTAATGAACTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6173_L1_VE|1
TGTGTGGGTTTGGAGGTTGGCCGTGGACAGCCTTTAGGTGTTGGTCTTAGTGGGCATCCT
>HPV21_Beta_1020170_nt6860_L1_VE|1
GGCTCATTGGTGTCTAGTGACGCTCAATTGTTTAACAGGCCATTTTGGCTACAGCGTGCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6734_L1_VE|1
CGGGCCCAGGGACACAATAATGGCATTGTTGGTTTAATGAGGTATTTGTAACAGTTGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6374_L1_VE|2
CAGCGATGTCAAGGCCAGAATAATGGCATTGCTGGAGAAACCAGTTATTTATTACAGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6220_L1_VE|1
ATTCAGGATGGTGATATGGTTTCATACTGGCTTTGGTGCTATGGACTTTACTACATTACAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5941_L1_VE|1
GGTCAGCCTTTAGGTGTTGGCCTTAGTGGGCATCCATTTTATAATAAATTAGATGACACT
>HPV107_Beta_126131393_nt5789_L1_VE|1
ATGTCTTTGTGGCTTCCTGCAACTGGTAAAGTATATTTGCCACCATCAACTCCGGTGGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6192_L1_VE|1
ATTCGAGAGCTCAGGGTACGAACAATTGTATTTGTTGGGGTAATGAGGTATTTGTTACA
>HPV66_Alpha_1020290_nt5858_L1_VE|1
GTGTTTAGGGTACGGTTGCCTGATCCTAATAAGTTTGGCCTTCCTGATCCATCTTTCTAT
>HPV57_Alpha_60882_nt6664_L1_VE|1
AAGCCTTACTGGCTGCGGAGGGCCAGGGACATAACAATGGCATGTGCTGGGGCAATCGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5262_L1_VE|1
TTATACCTTCCACCAAGTACTCCTGTTGCCAGAGTTTTAAGCACCGATGAATATGTGAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6437_L1_VE|1
AGGGCCCAGGGCCATAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAATTATTTGTTACTGTGGTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6519_L1_VE|1
TACTGGTTACAACGTGCACAGGGTCATAATAATGGTATCTGTTGGGGCAATCAATTGTTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6502_L1_VE|1
TATTGGTTGCATCGCGCCAGGGCCACAATAATGGCATTGCTGGAATAATCAGCTTTTT
>HPV75_Beta_2911544_nt5802_L1_VE|1
AAGGTTTATCTTCCACCATCAACACCTGTGGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGAATACATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5873_L1_VE|1
ATGTCCGTGTGGCGGCCTAGTGACAACAAGGTTTATCTGCCTCCTCCTGTTTCCAAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6504_L1_VE|1
AAGCCCTTTTGGCTACAAAAGGCGCAAGGCCACAATAATGGCATTGTTGGGGTAATCAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6200_L1_VE|1
CCTGGGGACGACAACCGGGACAATATGTCCATGGATTATAAACAACTCAGTTATGTATT
>HPV35_Alpha_333050_nt6505_L1_VE|1
CCATATTGGTTGCAACGTGCACAAGGCCATAATAATGGTATTTGTTGGAGTAACCAATTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6365_L1_VE|1
CCTACACCTAGTGGTTCCATGGTTTCTTCAGATGCACAGTTGTTTAATAAACCTTATTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5641_L1_VE|1
AGAGGTGGACCCTAAATGTAGGTACTGCAGGTCATCCTTTATTTAACAAAGCTCCAGAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6714_L1_VE|1
ACGTCTGAGGCTCAAATATTTAATAAGCCTTACTGGCTACAGCAGGCCCGGGACACAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5432_L1_VE|3

ATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGTCTCGCACCAACATCTTCTATCACGCTACCAGTGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6032_L1_VE|2
GCTCCTTTGGATATTGCAGGCACTGTCTGCAAATATCCAGATTATATTAAATGGGACAG
>HPV111_Beta_186461202_nt5653_L1_VE|1
GTATATTTGCCACCATCTACACCAGTGGCTCGCGTACAAAGCACCGATGAATATGTGGAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6740_L1_VE|1
CAGGGCCGAAACAATGGTATCTGCTGGGGCAATCAGGTATTTGTCACTGTGGTAGATACC
>HPV18_Alpha_9626069_nt6511_L1_VE|1
GTTACCTCTGACTCCCAGTTGTTTAATAAACCATATTGGTTACATAAGGCACAGGGTCAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5920_L1_VE|1
ACACAGCGGCTGGTTTGGGCCTGTGTAGGTGTTGAGGTAGGTCTGGTCAGCCATTAGGT
>HPV19_Beta_396940_nt5895_L1_VE|1
TACCTTCCACCATCTACACCAGTTGCCAGGGTACAAAGCACGGATGAATATGTTCAAAGG
>HPV9_Beta_9627396_nt6046_L1_VE|1
TGGGCCTGTAGAGGTATTGAAATAGGCAGAGGACAACCTTTAGGGGTGGAACATCAGGT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6384_L1_VE|1
ATGACCACACATATTGAGGATGGCGATATGGTGGATACCGGGTACGGTGCCATGGACTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6029_L1_VE|1
CCCAATCGATTTGCATTAGCAGACATGTCTAGTATACAATCCTGACAAGGAAAGGCTGGTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6369_L1_VE|1
GAAGTTATTGAGGATGGCGCATGGTTGATGCAGGCTTTGGTGCCATGGATTTTGCATCA
>HPV11_Alpha_333026_nt6732_L1_VE|1
TGCTGGGGAAACCACCTTGTTTGTACTGTGGTAGATACCACACGCAGTACAAATATGACA
>HPV25_Beta_396948_nt5920_L1_VE|1
GTGTACCTTCCACCATCTACACCTGTTGCCAGGGTACAAAGCACGGATGAATATGTGCAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6614_L1_VE|1
GGCAACTCAATGTATTTCCCAACAGTCAGTGGCTCATTGGTATCTAGTGATGCTCAATTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5615_L1_VE|1
ATGTGGCGGCCTAGCGAAAACAAAGTATACCTGCCTCCTACCCAGTTTCTAAGGTTGTC
>HPV11_Alpha_333026_nt6192_L1_VE|1
AGGGTTAATGTAGGTATGGATTATAAACAAACCCAGCTATGTATGGTGGGCTGTGCTCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6614_L1_VE|1
GACCCTAATATTTTAGAGGATTGGCAACTATCTGTATCTCAACCACCTACCAATCCTCTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6011_L1_VE|1
CAGGACAGTAGGGACAATGTGTCTGTGGACTATAAGCAAACACAGTTATGTATTATAGGC
>HPV39_Alpha_333245_nt6214_L1_VE|1
AACACCCCTATTGAGGATGGTGATATGATTGATACTGGCTATGGAGCTATGGACTTTGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5578_L1_VE|1
CCTAAAGGCACCTGTCCTCCTTTACAGTTGGTGTCTCTGTTATTCAGGATGGGGATATG
>HPV31_Alpha_333048_nt5853_L1_VE|1
TGGGCCTGTGTTGGTTTAGAGGTAGGTCTCGCGGCAGCCATTAGGTGTAGGTATTAGTGGT
>HPV44_Alpha_1020242_nt5995_L1_VE|1
GGGCTGGAGGTAGGTAGAGGACAGCCCTTAGGTGTTGGTATTAGTGGGCATCCATTATTA
>HPV23_Beta_1020186_nt5871_L1_VE|1
TTCAGGGCCTTTAGAGTTACATTTCCAGACCCTAATAAGTTTGCATTAGCAGACATGACT
>HPV15_Beta_396924_nt6004_L1_VE|1
TGGGCCTGTGTAGGCCTTGAAATAGGTAGAGGACAACCATTAGGAGTTGGTACTTCAGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6148_L1_VE|2
AAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt5963_L1_VE|1
TGGGCTTGTAAGGGTTAGAAATAGGAAGGACAGCCCTTAGGTGTAGGTACCACAGGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6361_L1_VE|1
ATACAGGATGGCGATATGGTTGACACAGGCTTTGGTGCTATGAATTTTGCTGATTTGCAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5950_L1_VE|1
GTTGAGGTAGGTCTGGTCTAGCCATTAGGTGTGGGCATTAGTGGCCATCCTTTATTAAAT

>HPV63_Mu_9626605_nt5822_L1_VE|1
GATGCAAAACAAACCCAAATGTTTCTAATTGGCTGTACACCAGCCACTGGGGAACACTGG
>HPV80_Beta_2911565_nt5989_L1_VE|1
GTTTATAATCCAGAAAAAGAAAGGTTGGTTTGGGCCTGTGCAGGCCTAGAAATAGGCAGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6511_L1_VE_rc|1
ATTTTGTCCCTGGGCTTTGTGCAGCCAATAAGGCTTATTAAACATTTGTGCATCTGAAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5491_L1_VE_rc|1
AGGCAATTTTCAGCCTAAACACTCGATATTGGCATGCAGACACCTTAGGAATCTCAATTTT
>HPV17_Beta_396932_nt6955_L1_VE_rc|1
CCTATATATATCATGCACTGGGTATCTGGTGTAGGCACAAATCCTAACTGCCAGTCTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5876_L1_VE_rc|1
AGGATCACAAGGTTTAGCAATATCCCAGTGTTACCAGTGGCTGGTTTACATCCTACAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6593_L1_VE_rc|1
CAAAATACCATTATTATGGCCCTGCGCGCGCTTCAACCAAAAAGGCTGTTGAATAGTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6245_L1_VE_rc|1
TGGGATTTTATCACCGGTATCACAGCCCTGTAAATAAGTGTGCAACAAACATTTGTTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6313_L1_VE_rc|1
CAATTCTCAAAATTCATGGCTCCAAATCCTGTATCTACCATGTCACCATCCTGAATTAC
>HPV42_Alpha_333211_nt5847_L1_VE_rc|1
GCTGACCACCTTGGAAACAGGAGGAGGTAGATAAACCTTGTGTCACTAGGCCGCCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6119_L1_VE_rc|1
ATCACCCATTGTCCAGCTCTAACAAAAAGTGTCTTGCATAAAGCTGTTCCCTTCGGCC
>HPV3_Alpha_397005_nt6328_L1_VE_rc|1
CAAGTTACCAAAGTCCATGGCACCATAACCTGTGTCCACCATATCGCCATCTTGTATAGG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6678_L1_VE_rc|1
ATGGCCCTGCGCCCGCTGCAGCCAATATGGCTTATTAAACAACCTGAGAATCAGACGACAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5473_L1_VE_rc|2
ACCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACTAAACGTTCCCTTATCTGAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt5669_L1_VE_rc|1
TTGAACAAATTCATCCGTACTTTGTACCCTTGCAACCGGTGTTGAAGGGGTAAGTATAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6765_L1_VE_rc|1
ATTATGGCCCTGTGCGCGTTGTAGCCAATAAGGCTTATTAAACAGCTGGGAATCAGAGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt5672_L1_VE_rc|2
ATTGCCTGAAATACCCACACCTAATGGTTGACCCCTACCGATTTCTATGCCTCTAAGACC
>HPV20_Beta_1020162_nt6824_L1_VE_rc|1
GCCCTGTGCGCGCTGCAGCCAAATGGCCTATTAAACAATTGAGCATCACTAGACACCAA
>HPV37_Beta_1020226_nt5897_L1_VE_rc|1
ATCTGGCAACCTAACCCTAAAAGCTCTGTATTGATTTCCAGATACTTTAGGAACCTCGAT
>HPV36_Beta_1020218_nt6792_L1_VE_rc|1
GTTAAACAATTGAGCATCACTAGACACCAATGAGCCACTAACAGTTGGGTAATACATGGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5489_L1_VE_rc|1
CTTAGGTTACCTACATCTTTCACTGGGAAATAAGGATGGCCTACAGTTAAAAGTCTTTC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6086_L1_VE_rc|1
TAACAGCTGTGTTTGTTTATAATCCACAGAAACATTATCCCTACTGTGTCAGTGTCCCCAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt6530_L1_VE_rc|1
TGGGACACTATCACCAGTAGTACCTGCCCTATTAAAAAAGTGCCTAACAAACATTTGTTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5621_L1_VE_rc|1
AGCTACTGGAGTTGATGGTGGCAAATATACCTTACCCTTGACAGGAAGCCAGAGAGACAT
>HPV56_Alpha_397053_nt5793_L1_VE_rc|1
TGGAAGCCCCAACTTATTAGGGTCGGGCAACCGTACCCTAAATACCTTATATTGATATGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6371_L1_VE_rc|1
AGCGTCTCCAACATTACCTCCTCTGGTAAAAATAATGTCTTGCATAGCACTGTTCCCTTCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6065_L1_VE_rc|1
AGCTTTAAAAATCCATGGCTCCAAAGCCAACATCTATCATATCACCATCCTGTATAGGGGT
>HPV59_Alpha_557236_nt5697_L1_VE_rc|1

AAAATATGGATGTCCAACGTGAAGAAGTCTGGAAGTGCCTGCGTGGTAGAAAATACTGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6061_L1_VE_rc|1
TCCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATACGACTGCTCACGTTTTCCAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6586_L1_VE_rc|1
CAACTGATTGCCCCAACATATGCCATTATTGTGGCCCTGCGCACGTTGTAACCAGTACGG
>HPV10_Alpha_9627257_nt5860_L1_VE_rc|1
GTTGGTGCCTGTCACATAGTCGTCCGTGCTGAGAAGCTTTAGACACGGGAGTGGGAGGCAG
>HPV33_Alpha_333049_nt5805_L1_VE_rc|1
GGAGGTGTCAGGAAATCCAAATTTATTAGGATCTGGTAAACGGACCCCTAAAAACCCCTATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5533_L1_VE_rc|1
ATTTTCTGTGTCCCCTATCTTATTTAGTAAAGGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGG
>HPV22_Beta_1020178_nt6563_L1_VE_rc|1
CTTCAACCAAAAAGGCCTGTTGAATAGTTGGGCATCAGAGGTTACTAAAGAACCCTAAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5611_L1_VE_rc|1
TTTAGCCACTGAAGGTGGTGAAGGTATACCTTGCTGTCACTAGAACGCCACAAAGCCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt5877_L1_VE_rc|1
GTAGTTGGTGCCTTGCACATATTCATCAGTGCTGACCACCTTGAAACAGGAGGAGGAGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt6735_L1_VE_rc|1
AGGCTTATTAAACAGCTGGGAATCAGAGGATACCATAGACCCACTAGGTGTAGGGGCATA
>HPV2_Alpha_9626032_nt5773_L1_VE_rc|1
AGGTAGGTATACCTTGCTTTTCATTAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAGAAATAGTGGA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6003_L1_VE_rc|1
CGATGCATCAGGAAGGCCAAACTTATTGGGATCAGGCAAACGTACCCCTAAACACCCCTATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6159_L1_VE_rc|1
AGTAAATCCATAGCTCCAAAGCCTGTATCAATCATATCGCCATCCTCAATAATGCTGGA
>HPV33_Alpha_333049_nt5655_L1_VE_rc|1
GGAAGTACCAGCATAATAATAAATGCTTGTGCGAGACACATATTCATCAGTGCTGACAAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5990_L1_VE_rc|1
TGCATCAGGAAGGCCAAATTTGTTGGGATCAGGCAAACGAACCCTAAATACCCTATATTG
>HPV45_Alpha_397022_nt6551_L1_VE_rc|1
AACAAACAAGTATTATGCCAACAAATACCATTGTTATGGCCCTGGGCCTTATGTAACCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5667_L1_VE_rc|2
CACCTCTTTGCCATCCGCATTAGTAATATTGTAAAATGGATGTCCAACAGTAAGCAAACG
>HPV33_Alpha_333049_nt6555_L1_VE_rc|1
AGTACTGCGAGTGGTATCTACCACAGTAACAAATACCTGATTGCCCCAACAAATACCATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6791_L1_VE_rc|2
ATCTTCTAATATACCTGAATTCATTGCATTGATCTGGGCTAGCACATCAGGTTGCAGTGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5979_L1_VE_rc|1
TTTATTAGGGTCTGGGCAAGCGTACTCTAAACACTCTGTATTGATGTCCAGACACTTTAGG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6744_L1_VE_rc|1
AAATACCTGATTGGCCCAGCATATACCATTGTTGTGTCCCTGGGCCTGCTGTAGCCAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6433_L1_VE_rc|2
ATCTTCAATGCCCCTGGAGCTGGTGAACAAAAGCTAATTGCCACTCCTCTAATATTCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6668_L1_VE_rc|1
ACCATTATTATGGCCCTGTGCACGGTGCAGCCAATAAGGCTTATTAAATAACTGGGAATC
>HPV44_Alpha_1020242_nt6265_L1_VE_rc|1
CAATTCAGCAAAATTCATGGCTCCAAAACAGTGTCCACCATATCACCATCCTCAATTAC
>HPV19_Beta_396940_nt6765_L1_VE_rc|1
GTTAAACAATTGAGCATCACTGGATACTAATGAGCCACTAACAGTTGGGAAATACATGGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5036_L1_VE_rc|1
ATATGGGTGTCCTACAGTAAGCAGGCGGTGCTGGAGGCATGGAAGAAAATAGACGTTTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5525_L1_VE_rc|1
ATTTGTTCTTGTACATATTCATCTGTGCTTACAACCTTAGACACAGACACAGGGGGCAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5787_L1_VE_rc|1
GGGATCAGGTAACCTTAACCCTAAATACTCTGTATTGATATGCAGACACCTTAGGAACATC

>HPV52_Alpha_397038_nt5956_L1_VE_rc|1
AGGATGCCCACTAATACCCACACCTAAAGGCTGTCCCCTACCAATTTCCAAGCCTGTACA
>HPV35_Alpha_333050_nt5635_L1_VE_rc|1
AGAAGTGCCTGCATGATAGTAGATGTTTGTGCGTGTTACATATTCATCAGTGCTAACAAC
>HPV58_Alpha_222386_nt5956_L1_VE_rc|1
TAAATAAGGATGACCACCTTACGCCAACACCCAATGGCTGTCCCCTACCTATTTCAAGGCC
>HPV58_Alpha_222386_nt5686_L1_VE_rc|1
ATAAATGCTTGTGCGTGACACATATTCATCAGTGCTTACAACCTTAGACACAGGCACAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6601_L1_VE_rc|1
TGCCCAACAAAATACCATTATTATGACCTTGTGCGCGTTGGAGCCAGAAGGGCCTATTAAA
>HPV58_Alpha_222386_nt5716_L1_VE_rc|1
AGCCAAAAGTCTGGAAGTGCAGCATAATAATAAATGCTTGTGCGTGACACATATTCATC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6472_L1_VE_rc|1
CAATTGGTTGCCCCAACAAATGCCATTATTATGACCCTGGGCACGCTGTAACCAGTAAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt5671_L1_VE_rc|1
TTGTACATATTCATCCGTGCTTTGTACTCTGGCAACTGGTGTGAAGGTGGCAAATATAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5637_L1_VE_rc|1
GTAAAATGGATGTCCAACAGTAAGCAAACGGTCAGTGGCAGCATGGAGGAAAGTACTGGT
>HPV38_Beta_1020234_nt6412_L1_VE_rc|1
AGCGTCACCCACTGCACCACCTCGAACAAAATAATGTCTGGCATAGCATTGCTCCCGTCG
>HPV102_Alpha_71726718_nt6704_L1_VE_rc|1
ACAAATGCCATTATTGTGTCCCTGGGCGCTTGAAGCCAGTAAGGCTTATTAAACAGTTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6407_L1_VE_rc|1
ACAAATACCATTGTTATGGCCCTGGGCGCTATGCAACCAATATGGCTTATTAAACAACTG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6400_L1_VE_rc|1
TAAAGCAGTAAAGTCCATGGCCCCATAGCCAGTGTCCACCATATCACCATCCTGAATAGG
>HPV38_Beta_1020234_nt5722_L1_VE_rc|1
GCTAGTTGCATGGTAATAGATGTCTGTTCGTTCCACATATTCATCCGTGCTTTGAACGCG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6521_L1_VE_rc|1
CCAAAAAGGCCTATTAAATAACTGAGCATCTGAAGAGACTAGAGAACCCTAACAGTAGG
>HPV58_Alpha_222386_nt6586_L1_VE_rc|1
AACCACGGTAACAAATAACTGATTGCCCCAGCAAATGCCATTGTTATGACCTTGTGCACG
>HPV42_Alpha_333211_nt6147_L1_VE_rc|1
ATTCATAATGGATGGCCACTAATACCAACGCCCAAAGGCTGTCCACGACCTACTTCTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5847_L1_VE_rc|1
AGGGTTCCCTGTTACACCAATACCTAAGGGCTGTCCCCTAGAAACCTCAATCCCACGAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5562_L1_VE_rc|1
ATTTTCTGTGTCTCCAACCTTATTAAACAAGGGATGACCAGTAGATCCAACACCTAAAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5066_L1_VE_rc|1
TGTACCTTACCCACTTTTGTAAATTGGAAAAATATGGGTGTCCTACAGTAAGCAGGCGGTC
>HPV52_Alpha_397038_nt5716_L1_VE_rc|1
TGTTAGTAATCGAGAACTGCCTGCATAATAATAGATGCTTGTGCGAGACACATACTCATC
>HPV92_Beta_27531786_nt6599_L1_VE_rc|1
CAGTTCATTACTCCAGCAAATACCATTGTTGTGGCCTTGTGCTCTTTGTAACCAATATGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6569_L1_VE_rc|1
GTGGCCTTGTGCTCTTTGTAACCAATATGGCCGATTAAATAATTGTGCATCAGTGGATAC
>HPV21_Beta_1020170_nt6830_L1_VE_rc|1
CAATTGAGCGTCACTAGACACCAATGAGCCACTGACAGTTGGGAAATACATGGAGTTACC
>HPV9_Beta_9627396_nt5776_L1_VE_rc|1
TTCCACATATTCATCGGTGCTTTGAACTCTCGCCACTGGTGTGCTGGTGGCAAATATAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6443_L1_VE_rc|1
CAAAGCACTAAAGTCCATTGCTCCAAACCTACATCTGCCATATCACCATCCTGAATAAC
>HPV76_Beta_2911551_nt5830_L1_VE_rc|1
AATGTATTTCATCCGTGCTTTGAACCCTGGCCACAGGTGTTGATGGTGGAAGATAAACCTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6077_L1_VE_rc|1

CTGTAATGTACTAAAGTCCATGGCACCATAACCTGTATCTACCATATCGCCATCCTCCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6014_L1_VE_rc|1
GTCTTGCTGTAAAGCAGCAAAATCCATAGCCCCAAAACCAATATCCATCATGTCACCATC
>HPV11_Alpha_333026_nt6702_L1_VE_rc|1
CACAGTAACAAACAAGTGGTTTCCCCAGCAAATACCATTGTTATGTCCCTGAGCCTTTTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6608_L1_VE_rc|1
GTTGGTGCTTCTGGTAGTATCCACAACAGTAACAAATACCTGATTACCCAGCATATGCC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6421_L1_VE_rc|1
ATTATGCCAGCAAATGCCATTGTTTTGTCCCTGGGCCTTTTGCAACCAATAAGGCTTATT
>HPV107_Beta_126131393_nt6749_L1_VE_rc|1
AACAAACATTTGGTTTCCCCATAGAATACCATTATTGTGGCCTTGTGCACGTTTCAACCA
>HPV65_Gamma_312100_nt5447_L1_VE_rc|1
GTGTTGATCCTGCACATCTTTCCTGGAATAAGGATGGCCTACAGTTAAAAGCCTTTC
>HPV30_Alpha_396973_nt6592_L1_VE_rc|1
AACAGTAACAAATACCTGGTTGCCCCAACAAATGCCATTATTGTGTCCCTGTGCGCGTTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6181_L1_VE_rc|1
CCACATAGAATCGCCATAGGGATCTGCGCCATGCCTAGATAATCTGGATATTTACATAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5921_L1_VE_rc|1
TTCAGTATCATCCAATCTATTATATAAAGGATGTCCACTAACGCCAACGCCCAATGGCTG
>HPV58_Alpha_222386_nt6616_L1_VE_rc|1
TAATGTCATATTAGTGCTACGAGTGGTATCAACCACGGTAACAAATAACTGATTGCCCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt5917_L1_VE_rc|1
ATTAGCATGATAATAGATGTTTGTCTTTGTATGTAGGAGTCCGTGCTTTGCACCCTGGC
>HPV96_Beta_50253426_nt6187_L1_VE_rc|1
TTTCACCTTGTTAAATAATGGATGTCCTGATGTACCTACACCTAATGGCTGTCCACGACC
>HPV49_Beta_9627363_nt5842_L1_VE_rc|1
AATGTATTTCATCCGTGCTTTGTACCCTTGCCACAGGTGTTGAAGGTGGTAGATATACCTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5872_L1_VE_rc|1
AGGATGACCACTAAGGCCAACACCTAACGGCTGACCCCTACCTACTTCAACACCAACACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6462_L1_VE_rc|1
ACCACTGGGAGCTGGTGGAAACATAAGCTAATTGCCAATTTTCCAAAATTCTGGGGTCCAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5546_L1_VE_rc|1
TACACCTGAATGGTCCTCCTGCAATGTAGCAAAATTCATTGCACCAAAGCCAATATCACA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6526_L1_VE_rc|1
CCAATATGGCTTATTAAACAATTGAGCCTCTGAAGTTATCATAGACCCACTAGGTGTAGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6521_L1_VE_rc|1
AGTAATAAACAACTGGTTATGCCAACAAATGCCATTATTGTGTCCCTGGGCCTTATGCAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5731_L1_VE_rc|1
CTTGTCAGGATTATAAAAAGATGCATCTGGGAACCCAAATTTATTGGGATCTGGCAAACG
>HPV96_Beta_50253426_nt5887_L1_VE_rc|1
TATGTAGGAGTCCGTGCTTTGCACCCTGGCAACTGGTGTGATGGTGGTAAATAGACCTT
>HPV17_Beta_396932_nt5755_L1_VE_rc|1
TTCCACATACTCATCCGTGCTTTGTACTCGGGCTACTGGTGGTGTGGAGGCAAGTATAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6142_L1_VE_rc|1
AGCAAAATCCATGGCCCCAAAACAGTGTCCACCATATCGCCATCCTCAATGACAGTAGA
>HPV37_Beta_1020226_nt5987_L1_VE_rc|1
TCGGCCTATCTCCAAGCCGCACAGGCCACACCAACCTTTCCTTTTCTGGATTATATAC
>HPV9_Beta_9627396_nt6676_L1_VE_rc|1
GTTGTGACCTTGTGCTCTTTGGAGCCAAAATGGCCTATTAAACAATTGAGCATCTGAAGT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6882_L1_VE_rc|1
CTGATTAGCCACAGAATGCCATTATTATGACCCTGTGCTCTTTGCAGCCAGAAGGGCCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5807_L1_VE_rc|1
TACCTTGCTGTCACTAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAAAAATAGTGGACACGTTTAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6596_L1_VE_rc|1
ATTAAACCAGCATATACCATTGTTATGACCCTGGGCCTTTTGCAACCAGTATGGCTTATT

>HPV80_Beta_2911565_nt5749_L1_VE_rc|1
TTCCACATATTCATCGGTGCTTTGTACACGTGCTACAGGTGGTGTGGTGGTAAATACAC
>HPV65_Gamma_312100_nt5417_L1_VE_rc|1
ATAAGGATGGCCTACAGTTAAAAGCCTTTCTGTTCCAGCGTGGAAATAAAGAGATGTTCC
>HPV11_Alpha_333026_nt6432_L1_VE_rc|1
ACCATAAGGGTCTGCAGCCATTTGCAAATAATCAGGATATTTGCAGACAGTTCACAAAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6024_L1_VE_rc|1
TTCACCCAACGGGGGAGCACAGCCTACCATGCATAACTGTGTTTGCTTATAATCCATAGC
>HPV31_Alpha_333048_nt6483_L1_VE_rc|1
TAACTGATTGCCCCAACAAATACCATTATTGTGTCCCTGAGCACGTTGCATCCAATATGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5608_L1_VE_rc|1
AAAATTTCATGGCACCAAGCCAATATCACACATATCCCCATCCTGAATAACAGAGGACAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6406_L1_VE_rc|1
CACAGGGTCACCTAAGGTACCGGCCCTATTAAAAAGTGTCTAACAAACATTTGCTCACG
>HPV22_Beta_1020178_nt6143_L1_VE_rc|1
ACTGCCTGCATCTTCACAAACAGGAGCTTTATCCCAATATTCACCTAAACACGGTATACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6673_L1_VE_rc|1
CTCATTAACCAACAAATGCCATTATTATGTCCCTGGGCACGATGCAGCCAGTAGGGCTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6311_L1_VE_rc|1
AGCAAAGTCCATTGCAACCAAGCCAGTTCACCATATCACCATCCTGAATAGGGGCAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5431_L1_VE_rc|1
GTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTACTGTTAACAGACGATC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6586_L1_VE_rc|1
AGTTACAAATAACTGATTGTTCCAACAGATGCCATTATTATGTCCCTGGGCACGTTGCAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6472_L1_VE_rc|1
ATTGTGGCCCTGGGCGCGATGCAACCAATAAGGCTTATTAATAAATCTGAGAATCAGAGGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6539_L1_VE_rc|1
AGCATCACCCACAGCTCCTCCTCTAGTGAAATAATGTCTAGCATAACATTGTTCTCTCCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5778_L1_VE_rc|1
CTTAGAAACAGGAGTGGGAGGCAGGTATACCTTGCCGTCACCAGGCCGCCACATAGCCAT
>HPV8_Beta_333074_nt6812_L1_VE_rc|1
CATTTGATTAGCCCAGAGAATGCCATTATTATGACCCTGGGCACGCTGCAGCCAGAAAGG
>HPV17_Beta_396932_nt5935_L1_VE_rc|1
TGACATATCTGCCAAGGCAAACCTTATTAGGATCTGGTAATGTGACTCTGAAGGCTCTATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6491_L1_VE_rc|1
GCCATTATTGTGTCCCTGGGCCTTATGCAACCAATAGGGCTTATTAACAACCTGGGAATC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6316_L1_VE_rc|1
GCCCCAATATTCGCCCATGGGAGGTGTACAGCCAACAATACATAGCTGTGTTTGTTTATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6328_L1_VE_rc|1
GGAAGCAAAATCCATTGCACCAATCCTGTATCTACCATGTCCACCATCCTGTATAACTTC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6698_L1_VE_rc|1
AGTAACAAACAACTCATTAACCAACAAATACCATTATTATGGCCCTGTGCACGGTGCAG
>HPV17_Beta_396932_nt6145_L1_VE_rc|1
GCCTACAACAAACATCTGCACTTGTTTAGGGTCAAATGACGTGTTTTGTCTATCATCAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6752_L1_VE_rc|2
TGCAAGACCACTTTGATACAAAAATTTGCGGCCATAAAGGAAATTGATCAAGCTGCTCCGA
>HPV3_Alpha_397005_nt5818_L1_VE_rc|1
CAAGCGAGAACTGCCCTGCATAATAATAAATGTTGGTGCCTGTACATAGTCGTCCTGCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5466_L1_VE_rc|1
GTGAGGTTCCCTGTACATCTTTCACTGGAAAAATAAGGATGGCCTACAGTTAAAAGCCTTTC
>HPV12_Beta_396910_nt6805_L1_VE_rc|1
CTGATTAGCCCACAGGATGCCATTATTATGACCCTGTGCTCTTTGAAGCCAGAAGGGCCT
>HPV37_Beta_1020226_nt6467_L1_VE_rc|1
ATCACCTACATTTCCCCCTCTTACAAAAATAATGTCTGGCATAACATTGTTCTCTCCTAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5773_L1_VE_rc|1

CAACTTAGGAAAATTAGCAGCCCCAAAGCCTATATCTCCCATATCACCATCCTGAATAAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6671_L1_VE_rc|1
AAACAATTGGTTGGCCCAACAGATACCATTATTGTGTCCCTGAGCAGCCGCAGCCAATA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6578_L1_VE_rc|1
AACAAATACCTGATTACCCCAGCATATGCCATTATTATGGCCCTGTGCACGTTGCAACCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5436_L1_VE_rc|1
ATAAGGATGGCCTACAGTTAAAAGCCTTTCTGTACCAGCGTGGAAATACAGAGATGTTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6515_L1_VE_rc|1
GCCCCAACAAATACCATTGTTTTGACCTGGGCCCCGTTGTAACCAGTATGGCTTATTAAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6574_L1_VE_rc|1
AAGAAATAATTGATTATGCCAACATATACCATTGTTGTGGCCCTGGGCCTTATGTAGCCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6623_L1_VE_rc|1
AGCTACTGTTACAAACATTTGGTTGTTCCACAAAATACCATTATTATGGCCCTGCGCGCG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5650_L1_VE_rc|1
TGTGCGTGACACATATTCATCAGTGCTTACAACCTTAGATACAGGCACAGGAGGCAGGTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6665_L1_VE_rc|1
GTGGCCCTGGGCACGTTGCAGCCAATATGGCTTATTAAATAATTGGGAATCAGAGGACAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6566_L1_VE_rc|1
CTGGGCCTTTTGCAACCAGTATGGCTTATTAAACAATTGGGAATCCGAGGACACCATAGA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6438_L1_VE_rc|1
AGGTTCTGCAGCCATTTGCAATAGTCAGGATATTTACATGTGGAGGTGCATATATCCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5638_L1_VE_rc|1
TACCCCTGAGTGATCAGCCTGCAAGGCAGCAAAAATTCATGGCACCAAAGCCAATATCACA
>HPV39_Alpha_333245_nt6544_L1_VE_rc|1
ATTGTTGTGGCCCTGGGCCTTATGTAGCCAATAAGGCTTATTAAATAACTGGGAATCAGA
>HPV111_Beta_186461202_nt6553_L1_VE_rc|1
ATTGTTGTGGCCTTGTGCACGTTGCAACCAAAATGGTCTATTAAATAGCTGCGCATCTGA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5669_L1_VE_rc|1
AGGATCAGGTAAGGTAACCCTAAACACTCTGTATTGATATGCAGACACCTTAGGAATGCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6753_L1_VE_rc|1
TGTAGTATCAACCACAGTTACAAAAAGCTGATTACCCAGCAGATACCATTGTTAGGGCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5765_L1_VE_rc|1
TTTAGACACAGGAGTGGGAGGCAGGTATACCTTGCCGTCACCAGGCCGCCACAAAGCCAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6549_L1_VE_rc|1
TGGAACACTGTCTCCAGTAGTTCCCTGCCCTATTAAAAAAGTGCCTAACAAACATTTGTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt6391_L1_VE_rc|1
TCCTACGTTGCCACCTCTTACAAAAAAGTGTCTGGCATAACATTGCTCTCTGCGAGCAAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5761_L1_VE_rc|1
AACGCCTGCACAGGCCCAAACCAACCGCTCCTTGTCAGGATTATAAAAAAGATGCATCTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6358_L1_VE_rc|1
ATCAACCACCCAAAAAGACATTTTGTCTATATGGATCTTCCTTTTCCTTAGGAGGCTCTGC
>HPV51_Alpha_333087_nt6092_L1_VE_rc|1
AGCGAAATCCATAGCTCCAAACCCTGTATCAATCATATCGCCATCCTGAATGACAGAGGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt5764_L1_VE_rc|1
GTATACCTTGCCGTCACCAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAAGAATAGGGCACACGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6507_L1_VE_rc|1
GGCCTCGTTGTGCCACAGTATGCCATTGTTATGGCCCTGGGATCTCTGCAGCCAAAAGGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5589_L1_VE_rc|1
CCGAGACACAGGGGTGGGAGGAAGATATACCTTGCTGTCACTAGTACGCCACAAAGCCAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6342_L1_VE_rc|1
TAAGTCTGCAAAATTCATAGCACCAAAGCCTGTATCAACCATGTCCCCATCCTGTATAAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6721_L1_VE_rc|1
TACCACAGTAACAAACAGTTGATTACCCCAACAAATACCATTGTTATGTCCCTGGGCTTT
>HPV57_Alpha_60882_nt5734_L1_VE_rc|1
AGGCAGGTATACCTTGCTTTTCATTAGGCCGCCACATAGCCATCTGCAAAAGAAATAGTGCA

>HPV110_Beta_186461194_nt6007_L1_VE_rc|1
AGTATCTCTAACTTTATTAAATAAGGGATGACCACTGGTACCTACCCCTAAAGGTTGCCC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6185_L1_VE_rc|1
CCTACGAAGATAAAACCACATGGAATCACCATAGGGATCAGCAGCCATGCCTAAATAATC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6313_L1_VE_rc|1
AAAATCCATGGCACCATAGCCTGTTTCCACCATGTCGCCATCCTGTATAGTAGAATTTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6616_L1_VE_rc|1
GCTACGAGTGGTATCCACAACCTGTGACAAACAACCTGATTGCCCCAACATATGCCATTATT
>HPV110_Beta_186461194_nt5887_L1_VE_rc|1
AGACATGTCTGCTAATGCAAACCTATTAGGATCAGGCAATTGCACCCGGAATGCTCTGTA
>HPV3_Alpha_397005_nt6688_L1_VE_rc|1
AAACAATTGGTTGGCCCAACATATAACCATTTATGTGTCCCTGAGCACGCCGCAGCCAATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6101_L1_VE_rc|1
ATCTCCTGCATTTTCACATGGCTCAGCTTTATCCCAGTATTCTCCTAAACATGGTGTACA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5818_L1_VE_rc|1
ACGTGAACTGCCAGCATAATAAAATAAGTTGGTGCGTTGCACATATTCATCTGTGCTCAC
>HPV9_Beta_9627396_nt6496_L1_VE_rc|1
GTCACCAACTGAACCTCCTTAACATAATAATGCCTGGCATAACATTGTTCTCTTCTTGC
>HPV38_Beta_1020234_nt5782_L1_VE_rc|1
TTTTTGACCATCCTGTGATCTGACATCAAAATATGGATGGCCTACTGTTAATAGGCGATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5846_L1_VE_rc|2
TGGTCTGCCAAACAACCTGAGAATCACTAGAAACCAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTA
>HPV44_Alpha_1020242_nt6625_L1_VE_rc|1
TACAACAGTAACAAATAACTGATTTCCCCAACAAATACCATTATTGTGGCCCTGCGCCTT
>HPV56_Alpha_397053_nt6513_L1_VE_rc|1
ACCCAGCAAAATGCCATTATTATGGCCTTGGGCACGTTGCAACCAATAAGGTTTATTAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5656_L1_VE_rc|1
CTTTGATACAGGGGTAGGAGGCAGATAAACCTTGCTGTCACTAGGCCGCCACACCGCCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6686_L1_VE_rc|2
ATAAGGGTCTTCCCTTTCAGTATTAGGAACATCTGTTGGACACATTGTTGCCTGAGACAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6389_L1_VE_rc|1
GTTGTGTCCCTGTGCCTTGTGCAGCCAATAGGGCTTGTTAAATAACTGGGAGTCAGAGGA
>HPV14D_Beta_396918_nt6504_L1_VE_rc|1
CAGTTGAGCATCACTGGATACCAATGAGCCACTGACAGTTGGGAAATACATGGCATTGCC
>HPV38_Beta_1020234_nt5692_L1_VE_rc|1
TTCCACATATTCATCCGTGCTTTGAACGCGCGCAACTGGAGGTGTTGGTGGCAAGTATAT
>HPV23_Beta_1020186_nt5781_L1_VE_rc|1
TTTACTACCATCCGGTGATCTAACATCAAAATATGGGTGGCCTACAGTTAGTAATCGATC
>HPV35_Alpha_333050_nt6475_L1_VE_rc|1
ATGGCCTTGTGCACGTTGCAACCAATATGGTTTATTAAATATTTGTGCATCGGAGGTTAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6064_L1_VE_rc|1
ACAGCCTATAATGCACAACCTGTGTCTGTTTATAATCCACAGACACATTATCCCTACTGTC
>HPV31_Alpha_333048_nt6543_L1_VE_rc|1
TGCAATTGCAGCACAAACAGACATATTGGTACTACGTGTGGTATCTACCACAGTAACAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6057_L1_VE_rc|1
TGTCCAGTGTTCTCCAATGGCAGGTACACAGCCAATAATACACAGCTGAGTTTGTTTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6266_L1_VE_rc|2
TTGATTATCACTAGAAGCTACAGAACCCTTGGTGTAGGGAAGTAACATAACCACCAAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6545_L1_VE_rc|1
GGTATCTACAACCTGTTAAAAACACCTGATTGCCCAACAAATACCATTGTTTTGACCCTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6174_L1_VE_rc|1
TTTAAGAGGCTGCAATTCAGCAAAATTCATGGCACCAAGCCTGTATCTACCATATCACC
>HPV65_Gamma_312100_nt5777_L1_VE_rc|1
CCAATGTTCCCCAATAGCAGGAGTGCAACCTATGATAAACATTTGTGTCTGTTTTGGATC
>HPV51_Alpha_333087_nt6452_L1_VE_rc|1

AAAAAGCTGATTGTTCCAGCAAATGCCATTATTGTGACCCTGCGCACGGTGGAGCCAATA
>HPV40_Alpha_397014_nt5960_L1_VE_rc|1
CTTATTTCGGGTCAGGCAAACGTACCCTAAATACCCTGTATTGATGTCCAGAAACCTTAGG
>HPV23_Beta_1020186_nt6621_L1_VE_rc|1
TGCTACAGTCACAAACATCTGGTTGTTCCATAAAATACCATTGTTATGGCCTTGAGCACG
>HPV3_Alpha_397005_nt6718_L1_VE_rc|1
AGTACTACGTGTGGTATCCACCACAGTCACAAACAATTGGTTGGCCCAACATATACCATT
>HPV37_Beta_1020226_nt5747_L1_VE_rc|1
TTCCACATAATCATCCGTGCTTTGCACCCGGGCTACTGGTGGTGTGGAGGCAAGTATAC
>HPV111_Beta_186461202_nt6343_L1_VE_rc|1
GTAATGTCTGGCATAACATTGCTCCCTTCTGGCAAAAAGAAACAAGCGTCCCCATAGAC
>HPV25_Beta_396948_nt6790_L1_VE_rc|1
GAATAATTGAGCATCACTGGATACCAATGAGCCACTGACTGTTGGGAAATACATTGAGTT
>HPV21_Beta_1020170_nt5960_L1_VE_rc|1
TTGTACATATTCATCCGTGCTTTGGACCCCTGGCAACTGGTGTAGACGGTGAAGGTAAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5486_L1_VE_rc|1
CATATCCCACATCCTCAATAATGGAACCTAAAGGAGGACATGCACCCATATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6236_L1_VE_rc|2
TGGTGTAGGGAAGTAACTATAACCACCAAGGTTATTTTGAGGTTTATCAGTTTGTGGTGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6489_L1_VE_rc|1
ATTATGACCCTGTGCACGTTGTAACAGTATGGCTTATTAAATAGTTGTGCATCCGAAGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6556_L1_VE_rc|1
GCCATTATTATGTCCCTGGGCACGTTGCAGCCAATATGGCTTATTAAACAATTGAGCCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt5714_L1_VE_rc|1
TCCTATACCTAAAGGCTGGCCTCTACCTATCTCTATCCCTCTTAGGCCCCAACTAATCT
>HPV40_Alpha_397014_nt6350_L1_VE_rc|1
GGAAGCAAAATCCATAGCACCAAAGCCAGTATCCACCATGTGCGCCATCTGAATAACCTC
>HPV51_Alpha_333087_nt5972_L1_VE_rc|1
AATACCCAGTGTTCCCCAATAGGTGGAGCACAGCCTATTATACATAACTGAGTCTGTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5984_L1_VE_rc|1
CCCCAAACCAATATCCATCATGTACCATCTTCTATGACAGACTCTATCATTTGCACCCT
>HPV40_Alpha_397014_nt6380_L1_VE_rc|1
CAATGGCACATCACTTTTATTGGCCTGCAAGGAAGCAAAATCCATAGCACCAAAGCCAGT
>HPV25_Beta_396948_nt6820_L1_VE_rc|1
TTGTGCTCGCTGTAACCAAAATGGCCTATTGAATAATTGAGCATCACTGGATACCAATGA
>HPV56_Alpha_397053_nt6483_L1_VE_rc|1
GGCACGTTGCAACCAATAAGGTTTATTAAATAACTGTGCCTCAGACGTAATCATAGACCC
>HPV65_Gamma_312100_nt5807_L1_VE_rc|1
AACAGGACTTGCACAAGGCTCAGCCTTATCCCAATGTTCCCCAATAGCAGGAGTGCAACC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6443_L1_VE_rc|1
GAACATGCAATCGCCATAGGGCTCAGCAGCCATTGCAAATAGTCAGGATACTTGCAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6133_L1_VE_rc|1
CCAACAAATGCCATTATTTGTTCCCTGGGCTCGTCTAAGCCAATAAGGCCTATTAAATAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6869_L1_VE_rc|1
GTATGCATCCTGAATAGGGTTATCTGGAGTAGGAACAAATCCTAACTGCCAGTCCTCCAA
>HPV58_Alpha_222386_nt6226_L1_VE_rc|1
CTGCAATGTACCAAAGTCCATGCATCCAAACCCTGTATCTACCATGTCACCATCCTCAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6275_L1_VE_rc|1
GTCCCCATATGCCTCTGCAGCCATTTTAAGGTAATCAGGATATTTACAAATTGAGGTAGC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6730_L1_VE_rc|1
TATACCATTTGTTGCCCCCTGGGCCCCGCGCAGCCAATATGGCTTATTAAACAATTGAGC
>HPV80_Beta_2911565_nt6469_L1_VE_rc|1
ATCGCCTACTGCACCTCCTCTAACAAAATAATGTCTAGCATAACATTGCTCTCGTCTTGC
>HPV92_Beta_27531786_nt5969_L1_VE_rc|1
GTCCAATACCTTATTAAATAATGGATGACCTGTGGTGCCAACACCTAAAGGCTGCCCTCG

>HPV33_Alpha_333049_nt6345_L1_VE_rc|1
AGCCTCTCCTAATGTACCAGCCCTATTAAAAAAGTGTCTTACAAACATTTGTTTCACGTCG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6700_L1_VE_rc|1
CAGCCAATATGGCTTATTAAACAATTGAGCCTCAGACGTTACCATGGACCCACTGGGTGT
>HPV38_Beta_1020234_nt6112_L1_VE_rc|1
ATCCCAGTATTCTCCTAGACAAGGAGTGCAGCCTATTATAAACATTTGCACCTGTTTAGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt5648_L1_VE_rc|1
CTTTGAAACAGGTGTTGGAGGTAGGTACACCTTATTGTCACTAGGCCGCCACATCGCCAT
>HPV30_Alpha_396973_nt6562_L1_VE_rc|1
AATGCCATTATTGTGTCCCTGTGCGCGTTGCAACCAGTAAGGTTTATTAAACAACCTGAGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6803_L1_VE_rc|1
AAACACTTGATTACCCCAACATATACCATTTATTGTGGCCTTGTGCCTGCTGTAACCAATA
>HPV2_Alpha_9626032_nt6853_L1_VE_rc|1
CTTGCACAGTTGGAAGATGAACTGCAAAATCATATTCCTCCATATGCCTGAGATATTCCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6580_L1_VE_rc|1
AACAACAGTAACAAATAGTTGGTTACCCCAACAAATGCCATTATTGTGGCCCTGTGCTCG
>HPV5_Beta_9627145_nt6668_L1_VE_rc|1
GTCATCACCAGTTTTTCCCCCTCTAACAAAAAAGTGTCTGGCATAACATTGCTCCCTACG
>HPV30_Alpha_396973_nt6532_L1_VE_rc|1
CAACCAGTAAGGTTTATTAAACAACCTGAGCCTCAGAGGTTACCATAGACCCACTAGGAGT
>HPV80_Beta_2911565_nt6019_L1_VE_rc|1
GCCTGATGTGCCTACACCTAATGGTTGTCTCTGCCTATTTCTAGGCCTGCACAGGCCCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt5973_L1_VE_rc|1
ATCAGGCAAACGTACCCTAAACACCCTATATTGATATCCAGACACCTTGGGAACCACTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5532_L1_VE_rc|1
GGGATGACCAGTAGATCCAACACCTAAAGGCCACCTCTCCCGACTTCTATACCTACTAG
>HPV111_Beta_186461202_nt6373_L1_VE_rc|1
TGCATCTCCTACATTGCCTCCTCTAACAAAGTAATGTCTGGCATAACATTGCTCCCTTCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt5874_L1_VE_rc|1
AGAAGTGCCTGCATAATAATAAATATTTGTGCGTGTACATAGTCGTCGGTGCTGATAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt5721_L1_VE_rc|1
ACTAGTTGCATGGTAATAGATGTCAGTTCTTTCCACATATTCATCCGTA CTCTGCACTCG
>HPV42_Alpha_333211_nt5817_L1_VE_rc|1
TAGATAAACCTTGTTGTCACTAGGCCGCCACACGGACATCTGCAAAAAAATATGGTACAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6817_L1_VE_rc|1
GATTTGATTACCCAGCAAATACCATTATTATGGCCTTGAGCCCTTTGCAGCCAAAAAGG
>HPV33_Alpha_333049_nt5925_L1_VE_rc|1
AGTGTCAATCAAAATTTGTTTAATAAAGGATGACCCTTATGCCAACGCCTAATGGCTGCCC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6043_L1_VE_rc|1
TAATAATGGATGACCCTAATACCAACACCTAAGGGTTGACCCCTACCAACCTCTAAACC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6502_L1_VE_rc|1
ACTGCGGGTAGTATCTACACAAGTAACAAACAATTGGTTGCCCCAACAAATGCCATTATT
>HPV15_Beta_396924_nt5734_L1_VE_rc|1
CTCCACATATTCATCGGTGCTTTGTACACGTGCTACAGGTGGTGTGGTGGCAAATATAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5796_L1_VE_rc|1
CCAATGTTACCTATTGCAGGAGTGCAACCTATAATAAACATCTGTGTTGTTTTGGGTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6442_L1_VE_rc|1
ATGACCCTGGGCACGCTGTAACCAGTAAGGTTTATTAAACAATTGAGCATCAGAGGTCAC
>HPV33_Alpha_333049_nt5625_L1_VE_rc|1
GCGAGACATATTCATCAGTGCTGACAACCTTTAGATACAGGTACAGGAGGCAGGTACAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6891_L1_VE_rc|1
CTTTGAAGCCAAATATCTGTATGTGTCATGAACTGCATTATCTGGTGTAGGAACAAACCC
>HPV27_Alpha_396964_nt6668_L1_VE_rc|1
CCAGCACATACCATTATTATGTCCCTGGGCCCTCCGTAGCCAGTAGGGCTTATTAAACAA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6625_L1_VE_rc|1

TACAACAGTAACAAATAACTGATTCCCCCAACAAATACCATTATTGTGGCCCTGCGCCCT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6635_L1_VE_rc|1
CTTATTAAATAATTGGGAATCAGAGGACACCATAGAGCCACTAGGCGTAGGGGAATAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6721_L1_VE_rc|1
CCTGACACGTTTTGTGGGCAGCAAACCACTTTGAAACAAAAATTTGCGACCTAAGCTAAA
>HPV14D_Beta_396918_nt6564_L1_VE_rc|1
AAACCAACAAATACCATTATTGTGGCCTTGTGCGCGCTGTAACCAAAATGGTCTATTGAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6464_L1_VE_rc|1
CATACAGTCTCCGTAGGGCTCAGCCGCCATTTGTAAATAATCAGGATATTTACAAATACC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6708_L1_VE_rc|1
CAGTTCATTAAACCAACAAATACCATTATTATGGCCCTGCGCCCGCTGCAGCCAATATGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6173_L1_VE_rc|1
AGGATGCCCCTAAGACCAACACCTAAAGGCTGTCCACGGCCAACCTCCAAACCCACACA
>HPV21_Beta_1020170_nt6860_L1_VE_rc|1
TGCACGCTGTAGCCAAAATGGCCTGTAAACAATTGAGCGTCACTAGACACCAATGAGCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt6734_L1_VE_rc|1
TACAACCTGTTACAAATACCTCATTAACCAACAAATGCCATTATTGTGTCCCTGGGCCCCG
>HPV1_Mu_9626063_nt6374_L1_VE_rc|2
AACTGTAAATAAATAACTGGTTTCTCCAGCAAATGCCATTATTCTGGCCTTGACATCGCTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6220_L1_VE_rc|1
CTGTAATGTAGTAAAGTCCATAGCACCAAGCCAGTATGAACCATATCACCATCCTGAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5941_L1_VE_rc|1
AGTGTCTATCTAATTTATTATAAAATGGATGCCCACTAAGGCCAACACCTAAAGGCTGACC
>HPV107_Beta_126131393_nt5789_L1_VE_rc|1
TGCCACCGGAGTTGATGGTGGCAAATATACTTTACCAGTTGCAGGAAGCCACAAAGACAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6192_L1_VE_rc|1
TGTAACAAATACCTCATTACCCCAACAAATACAATTGTTCGTACCCTGAGCTCTGCGAAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt5858_L1_VE_rc|1
ATAGAAAGATGGATCAGGAAGGCCAAACTTATTAGGATCAGGCAACCGTACCCTAAACAC
>HPV57_Alpha_60882_nt6664_L1_VE_rc|1
CCGATTGCCCCAGCACATGCCATTGTTATGTCCCTGGGCCCTCCGAGCCAGTAAGGCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5262_L1_VE_rc|1
TTTCACATATTCATCGGTGCTTAAACTCTGGCAACAGGAGTACTTGGTGGAAGGTATAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6437_L1_VE_rc|1
CACCACAGTAACAAATAATTGATTATGCCAACAAATACCATTGTTATGGCCCTGGGCCCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6519_L1_VE_rc|1
AAACAATTGATTGCCCCAACAGATACCATTATTATGACCCTGTGCACGTTGTAACCAGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6502_L1_VE_rc|1
AAAAAGCTGATTATTCCAGCAAATGCCATTATTGTGGCCCTGGGCGCGATGCAACCAATA
>HPV75_Beta_2911544_nt5802_L1_VE_rc|1
AATGTATTTCATCCGTGCTTTGCACCCTGGCCACAGGTGTTGATGGTGGAAGATAAACCTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5873_L1_VE_rc|1
CTTGGAACAGGAGGAGGAGGCAGATAAACCTTGTGTCACTAGGCCGCCACACGGACAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6504_L1_VE_rc|1
TTGATTACCCCAACAAATGCCATTATTGTGGCCTTGC GCCTTTTGTAGCCAAAAGGGCTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6200_L1_VE_rc|1
AATACATAACTGAGTTTGTATTATAATCCATGGACATATTGTCCCGGTTGTCGTCGCCAGG
>HPV35_Alpha_333050_nt6505_L1_VE_rc|1
CAATTGGTTACTCCAACAAATACCATTATTATGGCCTTGTGCACGTTGCAACCAATATGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6365_L1_VE_rc|1
CCAATAAGGTTTATTAAACAACCTGTGCATCTGAAGAAACCATGGAACCACTAGGTGTAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5641_L1_VE_rc|1
ATCTGGAGCTTTGTAAATAAAGGATGACCTGCAGTACCTACATTTAGTGGTCCACCTCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6714_L1_VE_rc|1
GTTGTGTCCCTGGGCCTGCTGTAGCCAGTAAGGCTTATTAAATATTTGAGCCTCAGACGT

>HPV63_Mu_9626605_nt5432_L1_VE_rc|3
ATCACTGGTAGCGTGATAGAAGATGTTGGTGCAGACACATAATCATCGCTGCTTAGAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6032_L1_VE_rc|2
CTGTCCCATTTTAATATAATCTGGATATTTGCAGACAGTGCCTGCAATATCCAAAGGAGC
>HPV111_Beta_186461202_nt5653_L1_VE_rc|1
TTCCACATATTCATCGGTGCTTTGTACGCGAGCCACTGGTGTAGATGGTGGCAAATATAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6740_L1_VE_rc|1
GGTATCTACCACAGTGACAAATACCTGATTGCCCCAGCAGATACCATTGTTTCGGCCCTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6511_L1_VE_rc|1
ATGACCTGTGCCTTATGTAACCAATATGGTTTATTAAACAACCTGGGAGTCAGAGGTAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5920_L1_VE_rc|1
ACCTAATGGCTGACCACGACCTACCTCAACACCTACACAGGCCCAAACCAGCCGCTGTGT
>HPV19_Beta_396940_nt5895_L1_VE_rc|1
CCTTTGAACATATTCATCCGTGCTTTGTACCTGGCAACTGGTGTAGATGGTGGAAAGGTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6046_L1_VE_rc|1
ACCTGATGTTCCAACCCCTAAAGGTTGTCTCTGCCTATTTCAATACCTCTACAGGCCCA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6384_L1_VE_rc|1
AAAGTCCATGGCACCGTACCCGGTATCCACCATATCGCCATCCTCAATATGTGTGGTCAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6029_L1_VE_rc|1
TACCAGCCTTTCCTTGTTCAGGATTGTATACCTGACATGTCTGCTAATGCAAATCGATTGGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt6369_L1_VE_rc|1
TGATGCAAAATCCATGGCACCAAGCCTGCATCAACCATGTGCGCCATCCTCAATAACTTC
>HPV11_Alpha_333026_nt6732_L1_VE_rc|1
TGTCATATTTGTACTGCGTGTGGTATCTACCACAGTAACAAACAAGTGGTTTCCCCAGCA
>HPV25_Beta_396948_nt5920_L1_VE_rc|1
TTGCACATATTCATCCGTGCTTTGTACCTGGCAACAGGTGTAGATGGTGGAAAGGTACAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6614_L1_VE_rc|1
TAATTGAGCATCACTAGATAACCAATGAGCCACTGACTGTTGGGAAATACATTGAGTTGCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt5615_L1_VE_rc|1
GACAACCTTAGAACTGGGGTAGGAGGCAGGTATACTTTGTTTTCGCTAGGCCGCCACAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6192_L1_VE_rc|1
TGGAGCACAGCCCACCATAACATAGCTGGGTTTGTATTATAATCCATACCTACATTAACCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6614_L1_VE_rc|1
TAGAGGATTGGTAGGTGGTTGAGATACAGATAGTTGCCAATCCTCTAAAATATTAGGGTC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6011_L1_VE_rc|1
GCCTATAATACATAACTGTGTTTGCTTATAGTCCACAGACACATTGTCCCTACTGTCTCTG
>HPV39_Alpha_333245_nt6214_L1_VE_rc|1
ACCAAAGTCCATAGCTCCATAGCCAGTATCAATCATATCACCATCCTCAATAGGGGTGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5578_L1_VE_rc|1
CATATCCCCATCCTGAATAACAGAGGACACCAACTGTAAAGGAGGACAGGTGCCTTTAGG
>HPV31_Alpha_333048_nt5853_L1_VE_rc|1
ACCACTAATACCTACACCTAATGGCTGCCCCGCGACCTACCTCTAAACCAACACAGGCCCA
>HPV44_Alpha_1020242_nt5995_L1_VE_rc|1
TAATAATGGATGCCCCTAATACCAACACCTAAGGGCTGTCCTCTACCTACCTCCAGCCC
>HPV23_Beta_1020186_nt5871_L1_VE_rc|1
AGTCATGTCTGCTAATGCAAACCTTATTAGGGTCTGGAAATGTAACCTCTAAAGGCCCTGAA
>HPV15_Beta_396924_nt6004_L1_VE_rc|1
GCCTGAAGTACCAACTCCTAATGGTTGTCTCTACCTATTTCAAGGCCTACACAGGCCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6148_L1_VE_rc|2
TTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt5963_L1_VE_rc|1
ACCTGTGGTACCTACACCTAAGGGCTGTCTCTTCTCTATTTCTAACCCTTTACAAGCCCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6361_L1_VE_rc|1
CTGCAAAATCAGCAAAATTCATAGCACCAAGCCTGTGTCAACCATATCGCCATCCTGTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5950_L1_VE_rc|1

ATTTAATAAAGGATGGCCACTAATGCCCACACCTAATGGCTGACCACGACCTACCTCAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5822_L1_VE_rc|1
CCAGTGTTCCTCCAGTGGCTGGTGTACAGCCAATTAGAAACATTTGGGTTGTTTTGCATC
>HPV80_Beta_2911565_nt5989_L1_VE_rc|1
TCTGCCTATTTCTAGGCCTGCACAGGCCCAAACCAACCTTTCTTTTTCTGGATTATAAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5414_L1_Tile|1
ATGTATAATGTTTTTCAGATGGCTGTCTGGTTACCAGCGCAGAATAAGTTCTATCTTCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5419_L1_Tile|1
TAATGTTTTTCAGATGGCTGTCTGGTTACCAGCGCAGAATAAGTTCTATCTTCCTCCCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5434_L1_Tile|1
GGCTGTCTGGTTACCAGCGCAGAATAAGTTCTATCTTCCTCCCCAGCCCATCACTAGAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5439_L1_Tile|1
TCTGGTTACCAGCGCAGAATAAGTTCTATCTTCCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5449_L1_Tile|1
AGCGCAGAATAAGTTCTATCTTCCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCCACTGATGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5454_L1_Tile|1
AGAATAAGTTCTATCTTCCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCCACTGATGAATATG
>HPV1_Mu_9626063_nt5459_L1_Tile|1
AAGTTCTATCTTCCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCCACTGATGAATATGTAACC
>HPV1_Mu_9626063_nt5474_L1_Tile|1
CCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCCACTGATGAATATGTAACCAGAACCAATCTCTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt5479_L1_Tile|1
GCCCATCACTAGAATCCTGTCCACTGATGAATATGTAACCAGAACCAATCTCTTCTACCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5484_L1_Tile|1
TCACTAGAATCCTGTCCACTGATGAATATGTAACCAGAACCAATCTCTTCTACCATGCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5489_L1_Tile|1
AGAATCCTGTCCACTGATGAATATGTAACCAGAACCAATCTCTTCTACCATGCAACATCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5499_L1_Tile|1
CCACTGATGAATATGTAACCAGAACCAATCTCTTCTACCATGCAACATCTGAACGTCTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5504_L1_Tile|1
GATGAATATGTAACCAGAACCAATCTCTTCTACCATGCAACATCTGAACGTCTACTGCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt5509_L1_Tile|1
ATATGTAACCAGAACCAATCTCTTCTACCATGCAACATCTGAACGTCTACTGCTGGTCGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5514_L1_Tile|1
TAACCAGAACCAATCTCTTCTACCATGCAACATCTGAACGTCTACTGCTGGTCGGACATC
>HPV1_Mu_9626063_nt5529_L1_Tile|1
TCTTCTACCATGCAACATCTGAACGTCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5534_L1_Tile|1
TACCATGCAACATCTGAACGTCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5539_L1_Tile|1
TGCAACATCTGAACGTCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGTAATCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5544_L1_Tile|1
CATCTGAACGTCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGTAATCAAACCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt5549_L1_Tile|1
GAACGTCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGTAATCAAACCTGTAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5554_L1_Tile|1
TCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGTAATCAAACCTGTAACCTATACC
>HPV1_Mu_9626063_nt5559_L1_Tile|1
TGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGTAATCAAACCTGTAACCTATACCAAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5564_L1_Tile|1
GTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGTAATCAAACCTGTAACCTATACCAAAAGTGTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5579_L1_Tile|1
TTTGAGATCTCCAGTAATCAAACCTGTAACCTATACCAAAAGTGTACCAAAATGCATTTAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5584_L1_Tile|1
GATCTCCAGTAATCAAACCTGTAACCTATACCAAAAGTGTACCAAAATGCATTTAGAGTTTT

>HPV1_Mu_9626063_nt5594_L1_Tile|1
AATCAAAGTGTAACTATACCAAAAGTGTACCAAATGCATTTAGAGTTTTAGGGTGCGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5599_L1_Tile|1
AACTGTAACTATACCAAAAGTGTACCAAATGCATTTAGAGTTTTAGGGTGCGTTTTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt5604_L1_Tile|1
TAAGTATACCAAAAGTGTACCAAATGCATTTAGAGTTTTAGGGTGCGTTTGCTGATC
>HPV1_Mu_9626063_nt5609_L1_Tile|1
ATACCAAAAGTGTACCAAATGCATTTAGAGTTTTAGGGTGCGTTTGCTGATCCAAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5614_L1_Tile|1
AAAAGTGTACCAAATGCATTTAGAGTTTTAGGGTGCGTTTGCTGATCCAAATAGATT
>HPV1_Mu_9626063_nt5644_L1_Tile|1
TAGGGTGCGTTTGCTGATCCAAATAGATTTGCATTTGGGGATAAGGCAATTTTAAATCC
>HPV1_Mu_9626063_nt5729_L1_Tile|1
CTAAGAGGGATAGAGATAGGTAGAGGCCAGCCTTTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5734_L1_Tile|1
AGGGATAGAGATAGGTAGAGGCCAGCCTTTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5739_L1_Tile|1
TAGAGATAGGTAGAGGCCAGCCTTTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt5744_L1_Tile|1
ATAGGTAGAGGCCAGCCTTTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5754_L1_Tile|1
GCCAGCCTTTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5759_L1_Tile|1
CCTTTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5764_L1_Tile|1
AGGTATAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5769_L1_Tile|1
TAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATT
>HPV1_Mu_9626063_nt5774_L1_Tile|1
ATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTATATT
>HPV1_Mu_9626063_nt5784_L1_Tile|1
ACCCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTATATTAATACTCATG
>HPV1_Mu_9626063_nt5789_L1_Tile|1
CTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTATATTAATACTCATGCAAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5794_L1_Tile|1
AAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTATATTAATACTCATGCAAATGGAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5799_L1_Tile|1
AGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTATATTAATACTCATGCAAATGGAGATTCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5809_L1_Tile|1
TGCAGAAAATCCAACAAATTATATTAATACTCATGCAAATGGAGATTCTAGACAAAATAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5819_L1_Tile|1
CCAACAAATTATATTAATACTCATGCAAATGGAGATTCTAGACAAAATACTGCTTTTGAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5844_L1_Tile|1
CAAATGGAGATTCTAGACAAAATACTGCTTTTGATGCAAAACAGACACAAATGTTTCCTCG
>HPV1_Mu_9626063_nt5849_L1_Tile|1
GGAGATTCTAGACAAAATACTGCTTTTGATGCAAAACAGACACAAATGTTTCCTCGTCGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt5864_L1_Tile|1
AATACTGCTTTTGATGCAAAACAGACACAAATGTTTCCTCGTCGGCTGTACTCCTGCTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5874_L1_Tile|1
TTGATGCAAAACAGACACAAATGTTTCCTCGTCGGCTGTACTCCTGCTTCAGGTGAACACT
>HPV1_Mu_9626063_nt5884_L1_Tile|1
ACAGACACAAATGTTTCCTCGTCGGCTGTACTCCTGCTTCAGGTGAACACTGGACAAGTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5889_L1_Tile|1
CACAAATGTTTCCTCGTCGGCTGTACTCCTGCTTCAGGTGAACACTGGACAAGTAGTCGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5894_L1_Tile|1

ATGTTCTCTCGTCGGCTGTACTCCTGCTTCAGGTGAACACTGGACAAGTAGTCGTTGCCCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5904_L1_Tile|1
TCGGCTGTACTCCTGCTTCAGGTGAACACTGGACAAGTAGTCGTTGCCCAGGGGAACAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5909_L1_Tile|1
TGTACTCCTGCTTCAGGTGAACACTGGACAAGTAGTCGTTGCCCAGGGGAACAAGTGAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5914_L1_Tile|1
TCCTGCTTCAGGTGAACACTGGACAAGTAGTCGTTGCCCAGGGGAACAAGTGAACTTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5929_L1_Tile|1
ACACTGGACAAGTAGTCGTTGCCCAGGGGAACAAGTGAACTTGGGGACTGCCCCAGGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5954_L1_Tile|1
GGGGAACAAGTGAACTTGGGGACTGCCCCAGGGTGCAAATGATAGAGTCTGTCATAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5964_L1_Tile|1
TGAACTTGGGGACTGCCCCAGGGTGCAAATGATAGAGTCTGTCATAGAAGATGGTGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt5974_L1_Tile|1
GGACTGCCCCAGGGTGCAAATGATAGAGTCTGTCATAGAAGATGGTGACATGATGGATAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6044_L1_Tile|1
GCTATGGATTTTGCTGCTTTACAGCAAGACAAGTCTGATGTCCCTTTAGATGTTGTTCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6049_L1_Tile|1
GGATTTTGCTGCTTTACAGCAAGACAAGTCTGATGTCCCTTTAGATGTTGTTCAAGCAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6079_L1_Tile|1
TGATGTCCCTTTAGATGTTGTTCAAGCAACATGCAAATATCCTGATTATATCAGAATGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6084_L1_Tile|1
TCCCTTTAGATGTTGTTCAAGCAACATGCAAATATCCTGATTATATCAGAATGAACCATG
>HPV1_Mu_9626063_nt6089_L1_Tile|1
TTAGATGTTGTTCAAGCAACATGCAAATATCCTGATTATATCAGAATGAACCATGAAGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6099_L1_Tile|1
TTCAAGCAACATGCAAATATCCTGATTATATCAGAATGAACCATGAAGCCTATGGCAACT
>HPV1_Mu_9626063_nt6104_L1_Tile|1
GCAACATGCAAATATCCTGATTATATCAGAATGAACCATGAAGCCTATGGCAACTCTATG
>HPV1_Mu_9626063_nt6114_L1_Tile|1
AATATCCTGATTATATCAGAATGAACCATGAAGCCTATGGCAACTCTATGTTTTTTTTTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6119_L1_Tile|1
CCTGATTATATCAGAATGAACCATGAAGCCTATGGCAACTCTATGTTTTTTTTTTGCACGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6129_L1_Tile|1
TCAGAATGAACCATGAAGCCTATGGCAACTCTATGTTTTTTTTTTGCACGTCGCGAGCAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6134_L1_Tile|1
ATGAACCATGAAGCCTATGGCAACTCTATGTTTTTTTTTTGCACGTCGCGAGCAAATGTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6139_L1_Tile|1
CCATGAAGCCTATGGCAACTCTATGTTTTTTTTTTGCACGTCGCGAGCAAATGTATACCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6184_L1_Tile|1
GCAAATGTATACCAGGCACTTTTTTACTCGCGGGGGTTCGGTGGGTGATAAGGAGGCAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6194_L1_Tile|1
ACCAGGCACTTTTTTACTCGCGGGGGTTCGGTGGGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6199_L1_Tile|1
GCACTTTTTTACTCGCGGGGGTTCGGTGGGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6209_L1_Tile|1
ACTCGCGGGGGTTCGGTGGGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6224_L1_Tile|1
GTGGGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6229_L1_Tile|1
TGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6239_L1_Tile|1
GCAGTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6244_L1_Tile|1
CCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACAACAA

>HPV1_Mu_9626063_nt6249_L1_Tile|1
AAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACAACAAATTATG
>HPV1_Mu_9626063_nt6254_L1_Tile|1
CTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACAACAAATTATGTAGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6264_L1_Tile|1
CAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACAACAAATTATGTAGGCACACCAAGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6269_L1_Tile|1
GATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACAACAAATTATGTAGGCACACCAAGTGGCTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6279_L1_Tile|1
CAAGAACAACCTTTAGCAACAACAAATTATGTAGGCACACCAAGTGGCTCTATGGTTTCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6359_L1_Tile|1
AGATCTTACTGGCTTCAGCGATGTCAAGGCCAGAATAATGGCATTGTGCTGGAGAAACCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6369_L1_Tile|1
GGCTTCAGCGATGTCAAGGCCAGAATAATGGCATTGTGCTGGAGAAACCAGTTATTTATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6379_L1_Tile|1
ATGTCAAGGCCAGAATAATGGCATTGTGCTGGAGAAACCAGTTATTTATTACAGTTGGAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6384_L1_Tile|1
AAGGCCAGAATAATGGCATTGTGCTGGAGAAACCAGTTATTTATTACAGTTGGAGATAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6394_L1_Tile|1
TAATGGCATTGTGCTGGAGAAACCAGTTATTTATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6409_L1_Tile|1
GAGAAACCAGTTATTTATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6414_L1_Tile|1
ACCAGTTATTTATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6419_L1_Tile|1
TTATTTATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6424_L1_Tile|1
TATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6429_L1_Tile|1
CAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6434_L1_Tile|1
GGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6439_L1_Tile|1
TAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6444_L1_Tile|1
CCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTTCCAATG
>HPV1_Mu_9626063_nt6449_L1_Tile|1
GGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTTCCAATGCTAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6454_L1_Tile|1
AAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTTCCAATGCTAATTTTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6459_L1_Tile|1
TATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTTCCAATGCTAATTTTAATGATT
>HPV1_Mu_9626063_nt6464_L1_Tile|1
ATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTTCCAATGCTAATTTTAATGATTTTCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6469_L1_Tile|1
TATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTTCCAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6474_L1_Tile|1
AAAACAATGCAAGTACTACATATTTCCAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6479_L1_Tile|1
AATGCAAGTACTACATATTTCCAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6484_L1_Tile|1
AAGTACTACATATTTCCAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6489_L1_Tile|1
CTACATATTTCCAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6494_L1_Tile|1

TATTCCAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6499_L1_Tile|1
CAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6504_L1_Tile|1
CTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGTTCAGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6509_L1_Tile|1
TTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6519_L1_Tile|1
TTCTAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6524_L1_Tile|1
AGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACT
>HPV1_Mu_9626063_nt6529_L1_Tile|1
TACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6539_L1_Tile|1
TTTGATCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6544_L1_Tile|1
TCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6549_L1_Tile|1
CTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6554_L1_Tile|1
ATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATG
>HPV1_Mu_9626063_nt6559_L1_Tile|1
TCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATGGACCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6564_L1_Tile|1
TTTGTAAGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATGGACCCTAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6569_L1_Tile|1
AAAGTAAAGTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATGGACCCTAATATTTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6574_L1_Tile|1
AAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATGGACCCTAATATTTTAGAGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6579_L1_Tile|1
TAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATGGACCCTAATATTTTAGAGGATTGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6594_L1_Tile|1
TAGCCTACATTCATACAATGGACCCTAATATTTTAGAGGATTGGCAACTATCTGTATCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6629_L1_Tile|1
GAGGATTGGCAACTATCTGTATCTCAACCACCTACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6639_L1_Tile|1
AACTATCTGTATCTCAACCACCTACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6644_L1_Tile|1
TCTGTATCTCAACCACCTACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6649_L1_Tile|1
ATCTCAACCACCTACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCCTTGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6654_L1_Tile|1
AACCACCTACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCCTTGGCAGCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6659_L1_Tile|1
CCTACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCCTTGGCAGCAAAATGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6664_L1_Tile|1
CAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCCTTGGCAGCAAAATGTCCAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6669_L1_Tile|1
CTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCCTTGGCAGCAAAATGTCCAGAACAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6694_L1_Tile|1
AGGGTCTTCCTTGGCAGCAAAATGTCCAGAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6709_L1_Tile|1
AGCAAAATGTCCAGAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6719_L1_Tile|1
CCAGAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAAATCTGGGAA

>HPV1_Mu_9626063_nt6729_L1_Tile|1
CGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAAATTCTGGGAAGTCGATCTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6734_L1_Tile|1
CCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAAATTCTGGGAAGTCGATCTCACAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6744_L1_Tile|1
AGACTGATCCTTATAGTCAATATAAATTCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCG
>HPV1_Mu_9626063_nt6749_L1_Tile|1
GATCCTTATAGTCAATATAAATTCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6754_L1_Tile|1
TTATAGTCAATATAAATTCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6759_L1_Tile|1
GTCAATATAAATTCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6764_L1_Tile|1
TATAAATTCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6769_L1_Tile|1
ATTCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6774_L1_Tile|1
GGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6779_L1_Tile|1
GTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6784_L1_Tile|1
TCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6789_L1_Tile|1
CAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6794_L1_Tile|1
AGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6799_L1_Tile|1
GTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6804_L1_Tile|1
AACAAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6809_L1_Tile|1
TTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACAACGTACT
>HPV1_Mu_9626063_nt6814_L1_Tile|1
CCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6819_L1_Tile|1
TTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6824_L1_Tile|1
CTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCACC
>HPV1_Mu_9626063_nt6834_L1_Tile|1
AATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6839_L1_Tile|1
CTATATCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCAAAACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6844_L1_Tile|1
TCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCAAAACAGTGCG
>HPV1_Mu_9626063_nt6849_L1_Tile|1
GTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCAAAACAGTGCGTGTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6854_L1_Tile|1
ATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCAAAACAGTGCGTGTATCTACG
>HPV1_Mu_9626063_nt6859_L1_Tile|1
ACAACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCAAAACAGTGCGTGTATCTACGTCAGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6864_L1_Tile|1
GTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCAAAACAGTGCGTGTATCTACGTCAGCCAAGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6879_L1_Tile|1
CCACCACAAAGCGCAAAACAGTGCGTGTATCTACGTCAGCCAAGCGCAGGCGTAAGGCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6881_L1_Tile|1

ACCACAAAGCGCAAAACAGTGCGTGTATCTACGTCAGCCAAGCGCAGGCGTAAGGCTTAG
>HPV2_Alpha_9626032_nt5908_L1_Tile|1
TCTAGGCTTCTCACTGTGGGTCATCCATATTACTCTATAAAGAAGAGTAATAATAAGGTG
>HPV2_Alpha_9626032_nt5913_L1_Tile|1
GCTTCTCACTGTGGGTCATCCATATTACTCTATAAAGAAGAGTAATAATAAGGTGGCTGT
>HPV2_Alpha_9626032_nt6793_L1_Tile|1
ACTAATGTATCTCTGTGTGCCACTGAGGCGTCTGATACTAATTATAAGGCTACCAATTTT
>HPV2_Alpha_9626032_nt7193_L1_Tile|1
CTATGCCTACCGTGTCTCGCAAGCGCGCCGCTGTTTCGGGGACCACGCCGCCACTAGTA
>HPV2_Alpha_9626032_nt7198_L1_Tile|1
CCTACCGTGTCTCGCAAGCGCGCCGCTGTTTCGGGGACCACGCCGCCACTAGTAAACGA
>HPV3_Alpha_397005_nt5878_L1_Tile|1
CTGACCGTGGGTCATCCTTATTTTGCTATCCCCAAATCTTCTAATTCCAAGATGGATATT
>HPV3_Alpha_397005_nt5883_L1_Tile|1
CGTGGGTCATCCTTATTTTGCTATCCCCAAATCTTCTAATTCCAAGATGGATATTCCTAA
>HPV3_Alpha_397005_nt5903_L1_Tile|1
CTATCCCCAAATCTTCTAATTCCAAGATGGATATTCCTAAGGTGTCCGCCTTTCAATATA
>HPV3_Alpha_397005_nt5908_L1_Tile|1
CCCAAATCTTCTAATTCCAAGATGGATATTCCTAAGGTGTCCGCCTTTCAATATAGAGTG
>HPV3_Alpha_397005_nt6273_L1_Tile|1
ATGTAAGCAGAATGCGTCACCGGGTGATTGTCTCCTCTAGAGCTTATTACTGCACCTAT
>HPV3_Alpha_397005_nt6278_L1_Tile|1
AGCAGAATGCGTCACCGGGTGATTGTCTCCTCTAGAGCTTATTACTGCACCTATACAAG
>HPV3_Alpha_397005_nt6518_L1_Tile|1
CAAGACATTTTCTTAACAGAGCTGGTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACA
>HPV3_Alpha_397005_nt6523_L1_Tile|1
CATTTTCTTAACAGAGCTGGTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAAA
>HPV3_Alpha_397005_nt6528_L1_Tile|1
TCTTAACAGAGCTGGTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGA
>HPV3_Alpha_397005_nt6533_L1_Tile|1
ACAGAGCTGGTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTC
>HPV3_Alpha_397005_nt6538_L1_Tile|1
GCTGGTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTCAGAGC
>HPV3_Alpha_397005_nt6543_L1_Tile|1
TATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTCAGAGCGGCGG
>HPV3_Alpha_397005_nt6553_L1_Tile|1
GACACCGTGCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTCAGAGCGGCGGTCTGGGATAAA
>HPV3_Alpha_397005_nt6563_L1_Tile|1
CTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTCAGAGCGGCGGTCTGGGATAAAAATTGGTAGTG
>HPV3_Alpha_397005_nt6783_L1_Tile|1
GACATTGTGTGTTTCTACTGAAACCTCGGCTACATATGATGCTACTAAATTTAAAGAGTA
>HPV3_Alpha_397005_nt6788_L1_Tile|1
TGTGTGTTTCTACTGAAACCTCGGCTACATATGATGCTACTAAATTTAAAGAGTATTTAA
>HPV3_Alpha_397005_nt6793_L1_Tile|1
GTTTCTACTGAAACCTCGGCTACATATGATGCTACTAAATTTAAAGAGTATTTAAGACAC
>HPV3_Alpha_397005_nt7003_L1_Tile|1
ACCTATAGATTTTAACTTCCTCTGCCATTACCTGCCAGAAAGATGCACCTCCCACTGAG
>HPV3_Alpha_397005_nt7028_L1_Tile|1
CCATTACCTGCCAGAAAGATGCACCTCCCACTGAGAAGCAAGACCCCTACGCCAAACTAA
>HPV3_Alpha_397005_nt7103_L1_Tile|1
ATCTTAAGGATCGTTTTTCCCTGGATCTTTTCGCAGTTCCCCCTTGGCAGGAAATTTCTCA
>HPV3_Alpha_397005_nt7118_L1_Tile|1
TTTCCCTGGATCTTTTCGCAGTTCCCCCTTGGCAGGAAATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAG
>HPV3_Alpha_397005_nt7123_L1_Tile|1
CTGGATCTTTTCGCAGTTCCCCCTTGGCAGGAAATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAGGTACC

>HPV3_Alpha_397005_nt7138_L1_Tile|1
TTCCCCCTTGGCAGGAAATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAGGTACCCGCTCTAGTATATCT
>HPV3_Alpha_397005_nt7153_L1_Tile|1
AAATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAGGTACCCGCTCTAGTATATCTGTTTCGTAAACGCTCG
>HPV3_Alpha_397005_nt7173_L1_Tile|1
TGTAGGTACCCGCTCTAGTATATCTGTTTCGTAAACGCTCGGCGACAACCACATCTAGAAC
>HPV3_Alpha_397005_nt7178_L1_Tile|1
GTACCCGCTCTAGTATATCTGTTTCGTAAACGCTCGGCGACAACCACATCTAGAACAGCTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5516_L1_Tile|1
GGAACCTCACAAAGTATTAGTTCTTAAGGTTTCAGGAAGTCAATTTAGAGTGTTTAGATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5541_L1_Tile|1
AAGGTTTCAGGAAGTCAATTTAGAGTGTTTAGATTCAATTTGCCAGACCCAAACAGATTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5556_L1_Tile|1
CAATTTAGAGTGTTTAGATTCAATTTGCCAGACCCAAACAGATTTGCTTTAATTGATAAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5621_L1_Tile|1
TTATGATTCTGATCATGAACGCCTAGTATGGAACTGAGGGGAATAGAAATAGGAAGAGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5631_L1_Tile|1
GATCATGAACGCCTAGTATGGAACTGAGGGGAATAGAAATAGGAAGAGGAGGACCGCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5636_L1_Tile|1
TGAACGCCTAGTATGGAACTGAGGGGAATAGAAATAGGAAGAGGAGGACCGCTTGGTAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5646_L1_Tile|1
GTATGGAACTGAGGGGAATAGAAATAGGAAGAGGAGGACCGCTTGGTATAGGTACTACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5671_L1_Tile|1
TAGGAAGAGGAGGACCGCTTGGTATAGGTACTACAGGTCATCCTTTATATAATAAGTTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6071_L1_Tile|1
CTATGGAGATAGCTTGTTTTCTTTGGAAGAAGAGAACAACCTATATGCCAGACATTTCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6076_L1_Tile|1
GAGATAGCTTGTTTTCTTTGGAAGAAGAGAACAACCTATATGCCAGACATTTCTTTGTCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6086_L1_Tile|1
GTTTTTCTTTGGAAGAAGAGAACAACCTATATGCCAGACATTTCTTTGTCAGAGCAGGCAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6151_L1_Tile|1
GAGATGCTCTACCAGAACCTTTTGAAGCTACCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6156_L1_Tile|1
GCTCTACCAGAACCTTTTGAAGCTACCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6161_L1_Tile|1
ACCAGAACCTTTTGAAGCTACCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6166_L1_Tile|1
AACCTTTTGAAGCTACCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6171_L1_Tile|1
TTTGAAGCTACCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6176_L1_Tile|1
AGCTACCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6181_L1_Tile|1
CCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6186_L1_Tile|1
GATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6191_L1_Tile|1
TTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6196_L1_Tile|1
TTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6206_L1_Tile|1
AAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGTGGCTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6211_L1_Tile|1
AACAAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGTGGCTCTTTAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6216_L1_Tile|1

GATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGTGGCTCTTTAGTATCC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6221_L1_Tile|1
GTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGTGGCTCTTTAGTATCCAGTGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6226_L1_Tile|1
CTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGTGGCTCTTTAGTATCCAGTGAATCCC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6356_L1_Tile|1
GTTGTTTGTACTCTTGTAGATAACACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6361_L1_Tile|1
TTGTTACTCTTGTAGATAACACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6366_L1_Tile|1
ACTCTGTAGATAACACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6371_L1_Tile|1
TGTAAGATAACACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6376_L1_Tile|1
ATAACACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6381_L1_Tile|1
ACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6386_L1_Tile|1
TAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6391_L1_Tile|1
CAAACCTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6396_L1_Tile|1
TTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6401_L1_Tile|1
AATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6406_L1_Tile|1
CTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6411_L1_Tile|1
AAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGTACCTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6416_L1_Tile|1
AGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGTACCTCAGACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6626_L1_Tile|1
TCAATATAGATTTTTGCAATCTAGAGCTACAAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6631_L1_Tile|1
ATAGATTTTTGCAATCTAGAGCTACAAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6636_L1_Tile|1
TTTTTGCAATCTAGAGCTACAAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAGAAGAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6641_L1_Tile|1
GCAATCTAGAGCTACAAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAGAAGATCCATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6646_L1_Tile|1
CTAGAGCTACAAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAGAAGATCCATATAAAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6651_L1_Tile|1
GCTACAAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAGAAGATCCATATAAAGATTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6656_L1_Tile|1
AAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAGAAGATCCATATAAAGATTTGTCTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6771_L1_Tile|1
GGCAGGCGGTTTTATATCAAAGTGGTTAATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6776_L1_Tile|1
GCGGTTTTATATCAAAGTGGTTAATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6781_L1_Tile|1
TTTTATATCAAAGTGGTTAATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6786_L1_Tile|1
TATCAAAGTGGTTAATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTCTCAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6791_L1_Tile|1
AAGTGGTTTAAATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTCTCATGCACA

>HPV4_Gamma_9626597_nt6801_L1_Tile|1
ATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTCTCATGCACAACTAATACC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6811_L1_Tile|1
CTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTCTCATGCACAACTAATACCAAACGTTCTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6816_L1_Tile|1
AAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTCTCATGCACAACTAATACCAAACGTTCTGCCAAA
>HPV5_Beta_9627145_nt6278_L1_Tile|1
CACCCCTTATTTCAATAAAGTAAAAGATACAGAAAACAGTAATGCATACATAACATTTTCT
>HPV5_Beta_9627145_nt6283_L1_Tile|1
TTATTTCAATAAAGTAAAAGATACAGAAAACAGTAATGCATACATAACATTTTCTAAAGA
>HPV5_Beta_9627145_nt6513_L1_Tile|1
ATATGGCAGACATAGGTTTTGGGAACATGAATTTTAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAG
>HPV5_Beta_9627145_nt6518_L1_Tile|1
GCAGACATAGGTTTTGGGAACATGAATTTTAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGATGTC
>HPV5_Beta_9627145_nt6523_L1_Tile|1
CATAGGTTTTGGGAACATGAATTTTAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGATGTCAGTTT
>HPV5_Beta_9627145_nt6533_L1_Tile|1
GGGAACATGAATTTTAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGATGTCAGTTTAGACATCGTC
>HPV5_Beta_9627145_nt6538_L1_Tile|1
CATGAATTTTAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGATGTCAGTTTAGACATCGTCAATGA
>HPV5_Beta_9627145_nt6958_L1_Tile|1
CAACACAAGAAATACTAATTTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGA
>HPV5_Beta_9627145_nt6963_L1_Tile|1
CAAGAAATACTAATTTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTG
>HPV5_Beta_9627145_nt6968_L1_Tile|1
AATACTAATTTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGAC
>HPV5_Beta_9627145_nt6988_L1_Tile|1
TGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCAATTTAG
>HPV5_Beta_9627145_nt6993_L1_Tile|1
ATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCAATTTAGAGAAT
>HPV5_Beta_9627145_nt6998_L1_Tile|1
CAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCAATTTAGAGAATATCAA
>HPV5_Beta_9627145_nt7003_L1_Tile|1
TGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCAATTTAGAGAATATCAAAGACA
>HPV5_Beta_9627145_nt7008_L1_Tile|1
CACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCAATTTAGAGAATATCAAAGACATGTAG
>HPV5_Beta_9627145_nt7068_L1_Tile|1
AAGAATATGAAATATCTTTAATTCTACAACCTCTGTAAGGTTCCCTTTAAAGGCACAGGTAT
>HPV5_Beta_9627145_nt7073_L1_Tile|1
TATGAAATATCTTTAATTCTACAACCTCTGTAAGGTTCCCTTTAAAGGCACAGGTATTGGCA
>HPV5_Beta_9627145_nt7078_L1_Tile|1
AATATCTTTAATTCTACAACCTCTGTAAGGTTCCCTTTAAAGGCACAGGTATTGGCACAGAT
>HPV5_Beta_9627145_nt7223_L1_Tile|1
TATATTGACTCTTTGGCTACACGGTGTCCAGATAAGAATCCTCCGAAAGAAAAGGAAGAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt5926_L1_Tile|1
CATCCTTATTTTCCATAAAACGGGCTAACAAAACCTGTTGTGCCAAAGGTGTCAGGATAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6131_L1_Tile|1
TAAGTGGACATCCTTTCCATAAATAAATATGATGATGTTGAAAATTCAGGGAGTGGTGGTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6141_L1_Tile|1
TCCTTTCCATAAATAAATATGATGATGTTGAAAATTCAGGGAGTGGTGGTAACCCCTGGACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6146_L1_Tile|1
TCCTAAATAAATAAATATGATGATGTTGAAAATTCAGGGAGTGGTGGTAACCCCTGGACAGGATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6151_L1_Tile|1
AATAAATATGATGATGTTGAAAATTCAGGGAGTGGTGGTAACCCCTGGACAGGATAACAGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6266_L1_Tile|1

CCCCTTTGGGCGAGCATTGGGGTAAAGGTAAACAGTGTACTAATACACCTGTACAGGCTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6561_L1_Tile|1
TAACAGGGCTGGCGAGGTGGGGGAACCTGTGCCTGATACTCTTATAATTAAGGGTAGTGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6566_L1_Tile|1
GGGCTGGCGAGGTGGGGGAACCTGTGCCTGATACTCTTATAATTAAGGGTAGTGGAAATC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6571_L1_Tile|1
GGCGAGGTGGGGGAACCTGTGCCTGATACTCTTATAATTAAGGGTAGTGGAAATCGAACG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6591_L1_Tile|1
GCCTGATACTCTTATAATTAAGGGTAGTGGAAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6596_L1_Tile|1
ATACTCTTATAATTAAGGGTAGTGGAAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6601_L1_Tile|1
CTTATAATTAAGGGTAGTGGAAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTAACACC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6611_L1_Tile|1
AGGGTAGTGGAAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTAACACCCCAAGCGGCT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6616_L1_Tile|1
AGTGGAAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTAACACCCCAAGCGGCTCTTTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6621_L1_Tile|1
AAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTAACACCCCAAGCGGCTCTTTGGTGTC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6791_L1_Tile|1
GCAGTACCAACATGACATTATGTGCATCCGTAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6796_L1_Tile|1
ACCAACATGACATTATGTGCATCCGTAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6801_L1_Tile|1
CATGACATTATGTGCATCCGTAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6806_L1_Tile|1
CATTATGTGCATCCGTAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGAGTACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6811_L1_Tile|1
TGTGCATCCGTAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGAGTACATGCGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6816_L1_Tile|1
ATCCGTAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGAGTACATGCGTCATGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6821_L1_Tile|1
TAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGAGTACATGCGTCATGTGGAAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6826_L1_Tile|1
ACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGAGTACATGCGTCATGTGGAAGAGTAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7171_L1_Tile|1
CGCAAGTTTTTTGTTACAAAGTGGATATAGGGGACGGTCCTCTATTTCGTACCGGTGTTAAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7191_L1_Tile|1
TGGATATAGGGGACGGTCCTCTATTTCGTACCGGTGTTAAGCGCCCTGCTGTTTCCAAAGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt5904_L1_Tile|1
GCAGGTAGTACCAGGTTATTAACCATAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5909_L1_Tile|1
TAGTACCAGGTTATTAACCATAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5914_L1_Tile|1
CCAGGTTATTAACCATAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5919_L1_Tile|1
TTATTAACCATAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTG
>HPV7_Alpha_9627389_nt5924_L1_Tile|1
AACCATAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCTAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5929_L1_Tile|1
TAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCTAAAGTGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5934_L1_Tile|1
CATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCTAAAGTGTCTGGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5939_L1_Tile|1
ATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCTAAAGTGTCTGGACATCA

>HPV7_Alpha_9627389_nt5944_L1_Tile|1
TTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCTAAAGTGTCTGGACATCAATACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6004_L1_Tile|1
GAGTGTTTAGAGTACGCTTGCCCGACCTAATAAATTTGGATTATCAGACACGTCTTTAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6014_L1_Tile|1
AGTACGCTTGCCCGACCTAATAAATTTGGATTATCAGACACGTCTTTATTTAATTCTGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6029_L1_Tile|1
CCCTAATAAATTTGGATTATCAGACACGTCTTTATTTAATTCTGAAACCCAACGCCTTGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6584_L1_Tile|1
AGGAACTACTGGAGACAGTGTTCCAAATGATTTATATATAACAGGTTTCATCTAATCGCGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6589_L1_Tile|1
CTACTGGAGACAGTGTTCCAAATGATTTATATATAACAGGTTTCATCTAATCGCGCTTCTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6594_L1_Tile|1
GGAGACAGTGTTCCAAATGATTTATATATAACAGGTTTCATCTAATCGCGCTTCTATTGCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6959_L1_Tile|1
GACATATATACATGCTATGGATTCTTCCTTATTAGATGATTGGAATTTTAAAATTGGTCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6979_L1_Tile|1
ATTCTTCCTTATTAGATGATTGGAATTTTAAAATTGGTCCTCCAGCGTCTGCAACCTTGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt6984_L1_Tile|1
TCCTTATTAGATGATTGGAATTTTAAAATTGGTCCTCCAGCGTCTGCAACCTTGGGAAGAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7034_L1_Tile|1
CTTGAAGATACTTATAGTTTTCTTACCAATAAAGCCATAGCATGTCAGCGTGATGCACC
>HPV7_Alpha_9627389_nt7044_L1_Tile|1
ACTTATAGGTTTCTTACCAATAAAGCCATAGCATGTCAGCGTGATGCACCCCCAAAAGAA
>HPV8_Beta_333074_nt6007_L1_Tile|1
TGTTTTACAACAATAATGGTGACACATTACAGGTTCCCAAAGTATCGGGAAATCAACACAG
>HPV8_Beta_333074_nt6012_L1_Tile|1
ACAACAATAATGGTGACACATTACAGGTTCCCAAAGTATCGGGAAATCAACACAGGGTCT
>HPV8_Beta_333074_nt6027_L1_Tile|1
ACACATTACAGGTTCCCAAAGTATCGGGAAATCAACACAGGGTCTTTCGCTTAAAGTTAC
>HPV8_Beta_333074_nt6042_L1_Tile|2
CCAAAGTATCGGGAAATCAACACAGGGTCTTTCGCTTAAAGTTACCAGATCCAAATAGGT
>HPV8_Beta_333074_nt6197_L1_Tile|1
GTTGGGAGCACCGGCCATCCCTATTTTAATAAAGTGAAAGACACTGAAAACAGCAATTCA
>HPV8_Beta_333074_nt6202_L1_Tile|2
GAGCACCGGCCATCCCTATTTTAATAAAGTGAAAGACACTGAAAACAGCAATTCATACAC
>HPV8_Beta_333074_nt6207_L1_Tile|1
CCGGCCATCCCTATTTTAATAAAGTGAAAGACACTGAAAACAGCAATTCATACACCACAA
>HPV8_Beta_333074_nt6357_L1_Tile|1
GGGAAAAAGCCATTCCATGTGCAGAGGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAAC
>HPV8_Beta_333074_nt6362_L1_Tile|2
AAAGCCATTCCATGTGCAGAGGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAACTAAAA
>HPV8_Beta_333074_nt6367_L1_Tile|1
CATTCCATGTGCAGAGGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAACTAAAAAATAC
>HPV8_Beta_333074_nt6372_L1_Tile|1
CATGTGCAGAGGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAACTAAAAAATACAGTTA
>HPV8_Beta_333074_nt6377_L1_Tile|1
GCAGAGGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAACTAAAAAATACAGTTATTGAA
>HPV8_Beta_333074_nt6382_L1_Tile|2
GGACCAACAGCAAGGTCTGTGCCCACCCATTGAACTAAAAAATACAGTTATTGAAGATGG
>HPV8_Beta_333074_nt6457_L1_Tile|1
TGGTTTTGGTAATATGAACTTTAAGACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGA
>HPV8_Beta_333074_nt6462_L1_Tile|2
TTGGTAATATGAACTTTAAGACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGACATAG
>HPV8_Beta_333074_nt6467_L1_Tile|1

AATATGAACTTTAAGACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGACATAGTAAAT
>HPV8_Beta_333074_nt6472_L1_Tile|1
GAACTTTAAGACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGACATAGTAAATGAGAT
>HPV8_Beta_333074_nt6477_L1_Tile|1
TTAAGACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGACATAGTAAATGAGATATGCA
>HPV8_Beta_333074_nt6482_L1_Tile|2
ACTTTACAACAGAACAGATCTGATGTAAGTCTCGACATAGTAAATGAGATATGCAAATAT
>HPV8_Beta_333074_nt6892_L1_Tile|1
CACGCGAAACACCAATTTTAGTATTTTCAGTTTACACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACAT
>HPV8_Beta_333074_nt6897_L1_Tile|1
GAAACACCAATTTTAGTATTTTCAGTTTACACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAG
>HPV8_Beta_333074_nt6902_L1_Tile|2
ACCAATTTTAGTATTTTCAGTTTACACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTAT
>HPV8_Beta_333074_nt6907_L1_Tile|1
TTTTAGTATTTTCAGTTTACACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTATAAATC
>HPV8_Beta_333074_nt6912_L1_Tile|1
GTATTTTCAGTTTACACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCC
>HPV8_Beta_333074_nt6917_L1_Tile|1
TCAGTTTACACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTC
>HPV8_Beta_333074_nt6922_L1_Tile|2
TTACACTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTCAGAGA
>HPV8_Beta_333074_nt6927_L1_Tile|1
CTGAAAATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTCAGAGAATATC
>HPV8_Beta_333074_nt6932_L1_Tile|1
AATGGGGAACCTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTCAGAGAATATCTGAGA
>HPV8_Beta_333074_nt6937_L1_Tile|1
GGAACCTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTCAGAGAATATCTGAGACATGT
>HPV8_Beta_333074_nt6942_L1_Tile|2
TTAAGAACATCACAGACTATAAATCAACCCAGTTCAGAGAATATCTGAGACATGTAGAAG
>HPV8_Beta_333074_nt7002_L1_Tile|2
AATATGAAATTTCCCTCATATTACAATTGTGTAAGATACCACTAAAGGCTGATGTTTTAG
>HPV8_Beta_333074_nt7012_L1_Tile|1
TTCCCTCATATTACAATTGTGTAAGATACCACTAAAGGCTGATGTTTTAGCACAAATCAA
>HPV8_Beta_333074_nt7077_L1_Tile|1
TGAATTCATCACTACTTGAGGAATGGCAACTGGGATTTGTACCTACCCCTGATACTCCAA
>HPV8_Beta_333074_nt7082_L1_Tile|2
TCATCACTACTTGAGGAATGGCAACTGGGATTTGTACCTACCCCTGATACTCCAATTCAT
>HPV8_Beta_333074_nt7197_L1_Tile|1
CTAAGGAAAAGCCTGATCCATATGCAAAGTTTAACTTCTGGAATGTGGACCTTACAGAAC
>HPV8_Beta_333074_nt7202_L1_Tile|2
GAAAAGCCTGATCCATATGCAAAGTTTAACTTCTGGAATGTGGACCTTACAGAACGACTT
>HPV8_Beta_333074_nt7207_L1_Tile|1
GCCTGATCCATATGCAAAGTTTAACTTCTGGAATGTGGACCTTACAGAACGACTTTCCCT
>HPV8_Beta_333074_nt7217_L1_Tile|1
TATGCAAAGTTTAACTTCTGGAATGTGGACCTTACAGAACGACTTTCCCTGGATTTGGAT
>HPV8_Beta_333074_nt7222_L1_Tile|2
AAAGTTTAACTTCTGGAATGTGGACCTTACAGAACGACTTTCCCTGGATTTGGATCAATA
>HPV9_Beta_9627396_nt5861_L1_Tile|1
TTAGTGACCGTTTGCTAACAGTGGGTCATCCATATTATGATGTCCGCTCAGGCGACGGAC
>HPV9_Beta_9627396_nt5866_L1_Tile|1
GACCGTTTGCTAACAGTGGGTCATCCATATTATGATGTCCGCTCAGGCGACGGACAAAGG
>HPV9_Beta_9627396_nt5871_L1_Tile|1
TTTGCTAACAGTGGGTCATCCATATTATGATGTCCGCTCAGGCGACGGACAAAGGATTGA
>HPV9_Beta_9627396_nt5881_L1_Tile|1
GTGGGTCATCCATATTATGATGTCCGCTCAGGCGACGGACAAAGGATTGAAGTCCCTAAA

>HPV9_Beta_9627396_nt5901_L1_Tile|1
TGTCCGCTCAGGCGACGGACAAAGGATTGAAGTCCCTAAAGTGTCTGGTAATCAGTATCG
>HPV9_Beta_9627396_nt6181_L1_Tile|1
AACACATCTTTTGACCCCAAACAGGTACAAATGTTTCATTATAGGATGTATTCCATGCTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6236_L1_Tile|1
GCTTAGGAGAACTGGGATAAAGCCAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAG
>HPV9_Beta_9627396_nt6241_L1_Tile|1
GGAGAACTGGGATAAAGCCAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6246_L1_Tile|1
ACACTGGGATAAAGCCAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTATGTCC
>HPV9_Beta_9627396_nt6251_L1_Tile|1
GGGATAAAGCCAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTATGTCTCCTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6256_L1_Tile|1
AAAGCCAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTATGTCTCCTATAGAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6261_L1_Tile|1
CAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTATGTCTCCTATAGAATTAAG
>HPV9_Beta_9627396_nt6266_L1_Tile|1
TGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTATGTCTCCTATAGAATTAAGAAACA
>HPV9_Beta_9627396_nt6366_L1_Tile|1
AAATATCAACAATAAGGAAGTGTCTTTAATAAGTCTGATGTAAGCTTAGATATTGTTGA
>HPV9_Beta_9627396_nt6371_L1_Tile|1
TCAACAATAAGGAAGTGTCTTTAATAAGTCTGATGTAAGCTTAGATATTGTTGATGAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6521_L1_Tile|1
GGCATTATTATGTTAGAGGAGGTTTCAGTTGGTGACGCTGTTCTGATGGTGCAGTAAACC
>HPV9_Beta_9627396_nt6526_L1_Tile|1
TATTATGTTAGAGGAGGTTTCAGTTGGTGACGCTGTTCTGATGGTGCAGTAAACCAGGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6536_L1_Tile|1
GAGGAGGTTTCAGTTGGTGACGCTGTTCTGATGGTGCAGTAAACCAGGATCATAATTTCT
>HPV9_Beta_9627396_nt6551_L1_Tile|1
GTGACGCTGTTCTGATGGTGCAGTAAACCAGGATCATAATTTCTTTTGGCCAGCAAAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6556_L1_Tile|1
GCTGTTCTGATGGTGCAGTAAACCAGGATCATAATTTCTTTTGGCCAGCAAAAAAGTGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6586_L1_Tile|1
CATAATTTCTTTTGGCCAGCAAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACC
>HPV9_Beta_9627396_nt6596_L1_Tile|1
TTTTGGCCAGCAAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6601_L1_Tile|1
CCAGCAAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACAGTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6606_L1_Tile|1
AAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACAGTAAGTGG
>HPV9_Beta_9627396_nt6616_L1_Tile|1
CAACAACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACAGTAAGTGGGTCATTAGTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6621_L1_Tile|1
ACAACGAACAATAGCTAATTCCACCTACTATCCTACAGTAAGTGGGTCATTAGTAAC TTC
>HPV9_Beta_9627396_nt6756_L1_Tile|1
TCAGATATTTGTTACAGTGGCAGACAATACACGTAACACCAATTTTACCATTAGTGTGTC
>HPV9_Beta_9627396_nt6766_L1_Tile|1
GTTACAGTGGCAGACAATACACGTAACACCAATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCA
>HPV9_Beta_9627396_nt6776_L1_Tile|1
CAGACAATACACGTAACACCAATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAG
>HPV9_Beta_9627396_nt6781_L1_Tile|1
AATACACGTAACACCAATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6786_L1_Tile|1
ACGTAACACCAATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAAATATAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6791_L1_Tile|1

ACACCAATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAATATAATGCCA
>HPV9_Beta_9627396_nt6796_L1_Tile|1
AATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAATATAATGCCAATAAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6801_L1_Tile|1
TACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAATATAATGCCAATAATATTAG
>HPV9_Beta_9627396_nt6806_L1_Tile|1
TTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAATATAATGCCAATAATATTAGAGAAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6886_L1_Tile|1
TATCAGATTTTCATTAATCTTACAGTTGTGTAAAGTGCCTTTAGTAGCTGAAGTATTATCC
>HPV9_Beta_9627396_nt6891_L1_Tile|1
GATTTTCATTAATCTTACAGTTGTGTAAAGTGCCTTTAGTAGCTGAAGTATTATCCCAGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt7026_L1_Tile|1
TATCTACAGATATATTGATTCAAAAGCCACAAAATGCCCAGATGCTGTTGAGCCTACAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt7096_L1_Tile|1
CCCTTTGCCAAATACTCATTTTGGAAAGTGGATCTAACTGAAAGATTATCGTTGGATCTT
>HPV9_Beta_9627396_nt7101_L1_Tile|1
TGCCAAATACTCATTTTGGAAAGTGGATCTAACTGAAAGATTATCGTTGGATCTTGATCA
>HPV9_Beta_9627396_nt7136_L1_Tile|1
AAAGATTATCGTTGGATCTTGATCAATATCCTTTAGGTAGAAAATTTCTTTTCAAGCTG
>HPV9_Beta_9627396_nt7166_L1_Tile|1
CTTTAGGTAGAAAATTTCTTTTCAAGCTGGTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt7171_L1_Tile|1
GGTAGAAAATTTCTTTTCAAGCTGGTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCT
>HPV9_Beta_9627396_nt7176_L1_Tile|1
AAAATTTCTTTTCAAGCTGGTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAA
>HPV9_Beta_9627396_nt7181_L1_Tile|1
TTCTTTTCAAGCTGGTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAAAAACAT
>HPV9_Beta_9627396_nt7186_L1_Tile|1
TTTCAAGCTGGTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAAAAACATCTAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt7191_L1_Tile|1
AGCTGGTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAAAAACATCTAAAAATGC
>HPV9_Beta_9627396_nt7196_L1_Tile|1
GTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAAAAACATCTAAAAATGCTAAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt7201_L1_Tile|1
CAAACACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAAAAACATCTAAAAATGCTAAGAGAAGG
>HPV9_Beta_9627396_nt7206_L1_Tile|1
ACGAAAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAAAAACATCTAAAAATGCTAAGAGAAGGCGAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt7210_L1_Tile|1
AAACGTCCTATTAAAAACATCTGTTAAAAACATCTAAAAATGCTAAGAGAAGGCGAACCTAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt6590_L1_Tile|1
CAAGACATTTCTTTAATCGGGCTAGTGCTGTTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATAT
>HPV10_Alpha_9627257_nt6595_L1_Tile|1
CATTTCTTTAATCGGGCTAGTGCTGTTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6600_L1_Tile|1
CTTTAATCGGGCTAGTGCTGTTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt6615_L1_Tile|1
TGCTGTTGGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAACGGTGGGGGGCGAGA
>HPV10_Alpha_9627257_nt6625_L1_Tile|1
GACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAACGGTGGGGGGCGAGACGTTGGTAGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt6815_L1_Tile|1
CTGTGGTAGACACGACTCGCAGTACCAATATGTGCTTGTGTGTTCTTCTGAGGCCTCCC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6820_L1_Tile|1
GTAGACACGACTCGCAGTACCAATATGTGCTTGTGTGTTCTTCTGAGGCCTCCCCTGCC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6825_L1_Tile|1
CACGACTCGCAGTACCAATATGTGCTTGTGTGTTCTTCTGAGGCCTCCCCTGCCACTAC

>HPV10_Alpha_9627257_nt6840_L1_Tile|1
CAATATGTGCTTGTGTGTTTCCTTCTGAGGCCTCCCCTGCCACTACGTATGACGCCACCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4918_L1_Tile|1
ATGTGTCTGAACCTCCTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4923_L1_Tile|1
TCTGAACCTCCTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTTGCATCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4928_L1_Tile|1
ACCTCCTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTTGCATCCAAGTCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4933_L1_Tile|1
CTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTTGCATCCAAGTCACAGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4938_L1_Tile|1
GTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTTGCATCCAAGTCACAGACGCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4963_L1_Tile|1
ATACATTTTATTTGCATCCAAGTCACAGACGCAAACGCAAGCGCAAACGGTCTGGTTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4968_L1_Tile|1
TTTTTATTTGCATCCAAGTCACAGACGCAAACGCAAGCGCAAACGGTCTGGTTTTTAATGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5008_L1_Tile|1
AACGGTCTGGTTTTTAATGTTTTGCAGATGGCTGGTTTGTGGCTACCTCAGACTGGTAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5013_L1_Tile|1
TCTGGTTTTTAATGTTTTGCAGATGGCTGGTTTGTGGCTACCTCAGACTGGTAAAATATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5018_L1_Tile|1
TTTTTAATGTTTTGCAGATGGCTGGTTTGTGGCTACCTCAGACTGGTAAAATATACCTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5043_L1_Tile|1
TTTGTGGCTACCTCAGACTGGTAAAATATACCTACCTCCAGCTCCTCCTGTGTCTAGGAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5048_L1_Tile|1
GGCTACCTCAGACTGGTAAAATATACCTACCTCCAGCTCCTCCTGTGTCTAGGAGTCTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5053_L1_Tile|1
CCTCAGACTGGTAAAATATACCTACCTCCAGCTCCTCCTGTGTCTAGGAGTCTTACCACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5058_L1_Tile|1
GACTGGTAAAATATACCTACCTCCAGCTCCTCCTGTGTCTAGGAGTCTTACCACCGATGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5063_L1_Tile|1
GTAAAATATACCTACCTCCAGCTCCTCCTGTGTCTAGGAGTCTTACCACCGATGAATATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5083_L1_Tile|1
GCTCCTCCTGTGTCTAGGAGTCTTACCACCGATGAATATGTTGTGGAAACATCTGTATTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5088_L1_Tile|1
TCCTGTGTCTAGGAGTCTTACCACCGATGAATATGTTGTGGAAACATCTGTATTCTTCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5118_L1_Tile|1
ATATGTTGTGGAAACATCTGTATTCTTCCATGCATCCAGTGATCGTCTAGTAACTGTGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5128_L1_Tile|1
GAAACATCTGTATTCTTCCATGCATCCAGTGATCGTCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5133_L1_Tile|1
ATCTGTATTCTTCCATGCATCCAGTGATCGTCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTATTTTCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5138_L1_Tile|1
TATTCTTCCATGCATCCAGTGATCGTCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTATTTTCCCGTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5143_L1_Tile|1
TTCCATGCATCCAGTGATCGTCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTATTTTCCCGTTATAAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5148_L1_Tile|1
TGCATCCAGTGATCGTCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5153_L1_Tile|1
CCAGTGATCGTCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5158_L1_Tile|1
GATCGTCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5163_L1_Tile|1
TCTAGTAACTGTGGGTCACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5168_L1_Tile|1

TAAGTGTGGGTCACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTGAGGTTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5178_L1_Tile|1
TCACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTGAGGTTCTTAAGGTTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5183_L1_Tile|1
CCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTGAGGTTCTTAAGGTTTCTGGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5188_L1_Tile|1
TTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTGAGGTTCTTAAGGTTTCTGGCAACCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5193_L1_Tile|1
CGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTGAGGTTCTTAAGGTTTCTGGCAACCAGTTTAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5198_L1_Tile|1
TAAACCAGGCAATCACACCGTTGAGGTTCTTAAGGTTTCTGGCAACCAGTTTAGGGCTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5208_L1_Tile|1
CAATCACACCGTTGAGGTTCTTAAGGTTTCTGGCAACCAGTTTAGGGCTTTTCGCCTACG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5223_L1_Tile|1
GGTTCTTAAGGTTTCTGGCAACCAGTTTAGGGCTTTTCGCCTACGTCTCCAGATCCCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5233_L1_Tile|1
GTTTCTGGCAACCAGTTTAGGGCTTTTCGCCTACGTCTCCAGATCCCAATAAGTTTGCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5238_L1_Tile|1
TGGCAACCAGTTTAGGGCTTTTCGCCTACGTCTCCAGATCCCAATAAGTTTGCTTTAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5298_L1_Tile|1
TGACAAACAATTGTATAATGTTGAATCGGAGCGCCTCGTGTGGCGTCTTAGAGGAATTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5303_L1_Tile|1
AACAATTGTATAATGTTGAATCGGAGCGCCTCGTGTGGCGTCTTAGAGGAATTGATATTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5308_L1_Tile|1
TTGTATAATGTTGAATCGGAGCGCCTCGTGTGGCGTCTTAGAGGAATTGATATTGGCAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5313_L1_Tile|1
TAATGTTGAATCGGAGCGCCTCGTGTGGCGTCTTAGAGGAATTGATATTGGCAGAGGAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5403_L1_Tile|1
TTTATTTAATAAGTTAAAGGATACTGAAAATCCTAATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5408_L1_Tile|1
TTAATAAGTTAAAGGATACTGAAAATCCTAATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5413_L1_Tile|1
AAGTTAAAGGATACTGAAAATCCTAATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACGCTAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5423_L1_Tile|1
ATACTGAAAATCCTAATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACGCTAGACAAAATGTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5428_L1_Tile|1
GAAAATCCTAATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACGCTAGACAAAATGTTTCTATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5433_L1_Tile|1
TCCTAATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACGCTAGACAAAATGTTTCTATGGATCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5438_L1_Tile|1
ATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACGCTAGACAAAATGTTTCTATGGATCCTAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5543_L1_Tile|1
ACTGGGATGTTGCTCCTGCATGTGACAAAAATCCTCCTAAAGGCACCTGTCCCTCCTTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5548_L1_Tile|1
GATGTTGCTCCTGCATGTGACAAAAATCCTCCTAAAGGCACCTGTCCCTCCTTTACAGTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5558_L1_Tile|1
CTGCATGTGACAAAAATCCTCCTAAAGGCACCTGTCCCTCCTTTACAGTTGGTGCTCCTCTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5563_L1_Tile|1
TGTGACAAAAATCCTCCTAAAGGCACCTGTCCCTCCTTTACAGTTGGTGCTCCTCTGTTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5568_L1_Tile|1
CAAAAATCCTCCTAAAGGCACCTGTCCCTCCTTTACAGTTGGTGCTCCTCTGTTATTCAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5658_L1_Tile|1
CATGAATTTTGCTGCCTTGCAGGCTGATCACTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5663_L1_Tile|1
ATTTTGCTGCCTTGCAGGCTGATCACTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGATACTT

>HPV101_Unclassified_109390389_nt5668_L1_Tile|1
GCTGCCTTGCAGGCTGATCACTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGATACTTGTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5678_L1_Tile|1
AGGCTGATCACTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGATACTTGTAAATGGCCAGACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5683_L1_Tile|1
GATCACTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGATACTTGTAAATGGCCAGACTTTCTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5688_L1_Tile|1
CTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGATACTTGTAAATGGCCAGACTTTCTTGGTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5698_L1_Tile|1
CCCCTAGATATTGTTGCAGATACTTGTAAATGGCCAGACTTTCTTGGTATGGCCAATGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5723_L1_Tile|1
GTAAATGGCCAGACTTTCTTGGTATGGCCAATGATAGGTTTGGGGATGGTATGTTTTTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5743_L1_Tile|1
GGTATGGCCAATGATAGGTTTGGGGATGGTATGTTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5748_L1_Tile|1
GGCCAATGATAGGTTTGGGGATGGTATGTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGTATGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5758_L1_Tile|1
AGGTTTGGGGATGGTATGTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGTATGCACGTCATTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5763_L1_Tile|1
TGGGGATGGTATGTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGTATGCACGTCATTATTTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5768_L1_Tile|1
ATGGTATGTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGTATGCACGTCATTATTTTACCCATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5773_L1_Tile|1
ATGTTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGTATGCACGTCATTATTTTACCCATAATGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5778_L1_Tile|1
TTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGTATGCACGTCATTATTTTACCCATAATGGCACTGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5793_L1_Tile|1
CGAGCAGGTGTATGCACGTCATTATTTTACCCATAATGGCACTGTTGGTGACAGTGTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5798_L1_Tile|1
AGGTGTATGCACGTCATTATTTTACCCATAATGGCACTGTTGGTGACAGTGTTCAGAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5808_L1_Tile|1
ACGTCATTATTTTACCCATAATGGCACTGTTGGTGACAGTGTTCAGAGGAGGGGTTTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5818_L1_Tile|1
TTCACCCATAATGGCACTGTTGGTGACAGTGTTCAGAGGAGGGGTTTGAAGGTAATGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5828_L1_Tile|1
ATGGCACTGTTGGTGACAGTGTTCAGAGGAGGGGTTTGAAGGTAATGGTAAAAAGTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5833_L1_Tile|1
ACTGTTGGTGACAGTGTTCAGAGGAGGGGTTTGAAGGTAATGGTAAAAAGTATTTTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5848_L1_Tile|1
GTTCCAGAGGAGGGGTTTGAAGGTAATGGTAAAAAGTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5863_L1_Tile|1
TTTGAGGGTAATGGTAAAAAGTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5868_L1_Tile|1
GGGTAATGGTAAAAAGTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAGCTGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5878_L1_Tile|1
AAAAAGTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAGCTGGCTCCCTCTTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5883_L1_Tile|1
GTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAGCTGGCTCCCTCTTTATATTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5888_L1_Tile|1
TTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAGCTGGCTCCCTCTTTATATTTTGCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5893_L1_Tile|1
GGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAGCTGGCTCCCTCTTTATATTTTGCTACACCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5913_L1_Tile|1
CCAGCATCAGCTGGCTCCCTCTTTATATTTTGCTACACCTAGTGGGTCCCTTAGCATCTAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5918_L1_Tile|1

ATCAGCTGGCTCCCTCTTTATATTTTGCTACACCTAGTGGGTCCTTAGCATCTAGTGACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5928_L1_Tile|1
TCCCTCTTTATATTTTGCTACACCTAGTGGGTCCTTAGCATCTAGTGACTCCCAGTTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5933_L1_Tile|1
CTTTATATTTTGCTACACCTAGTGGGTCCTTAGCATCTAGTGACTCCCAGTTATTTAGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5958_L1_Tile|1
GTCCTTAGCATCTAGTGACTCCCAGTTATTTAGTAGGCCCTACTGGATTGAACGGGCTCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5978_L1_Tile|1
CCCAGTTATTTAGTAGGCCCTACTGGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5983_L1_Tile|1
TTATTTAGTAGGCCCTACTGGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5988_L1_Tile|1
TAGTAGGCCCTACTGGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5993_L1_Tile|1
GGCCCTACTGGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5998_L1_Tile|1
TACTGGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6003_L1_Tile|1
GATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6008_L1_Tile|1
AACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTACTTTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6018_L1_Tile|1
GGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6023_L1_Tile|1
CTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6033_L1_Tile|1
TGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6038_L1_Tile|1
TATGGAATAATAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6043_L1_Tile|1
AATAATAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6048_L1_Tile|1
TAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6053_L1_Tile|1
TATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6058_L1_Tile|1
GTTACTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6063_L1_Tile|1
TTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6068_L1_Tile|1
TTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATATTCAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6073_L1_Tile|1
AATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATATTCAGTCCTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6078_L1_Tile|1
CCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATATTCAGTCCTATGATTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6088_L1_Tile|1
AATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATATTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6093_L1_Tile|1
TACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATATTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6098_L1_Tile|1
TTAATGTTGCTACAGAAGATAATATTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6103_L1_Tile|1
GTTGCTACAGAAGATAATATTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6108_L1_Tile|1
TACAGAAGATAATATTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGT

>HPV101_Unclassified_109390389_nt6113_L1_Tile|1
AAGATAATATTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6118_L1_Tile|1
AATATTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6123_L1_Tile|1
TCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6128_L1_Tile|1
CCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6133_L1_Tile|1
GATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6138_L1_Tile|1
TGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6143_L1_Tile|1
AGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6158_L1_Tile|1
TCAGACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6163_L1_Tile|1
CATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6173_L1_Tile|1
AATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6178_L1_Tile|1
GAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6183_L1_Tile|1
TTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6193_L1_Tile|1
GTGCAGCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6198_L1_Tile|1
GCTCTGTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6203_L1_Tile|1
GTAAAGTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTCTATTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6208_L1_Tile|1
GTGTCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6213_L1_Tile|1
TCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6218_L1_Tile|1
CTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6223_L1_Tile|1
GATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6238_L1_Tile|1
ATACACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6243_L1_Tile|1
CTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6248_L1_Tile|1
TGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6253_L1_Tile|1
CCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6263_L1_Tile|1
TGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAAACCACTTACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6268_L1_Tile|1
GAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAAACCACTTACAGATAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6273_L1_Tile|1
GCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAAACCACTTACAGATATATTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6278_L1_Tile|1
TAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAAACCACTTACAGATATATTGATTCTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6283_L1_Tile|1

ATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAAACCACTTACAGATATATTGATTCTCTTGCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6303_L1_Tile|1
CTCTATTGAAACCACTTACAGATATATTGATTCTCTTGCTACAATGTGTCCCACAGCAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6343_L1_Tile|1
ACAATGTGTCCCACAGCAGAGCCTCCTAAGGAAAAGGAAGATCCATATGACAAAATGTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6383_L1_Tile|1
ATCCATATGACAAAATGTCTTTTTTGGGTGGTTGATTTATCAGACAGAATGTCCTCTGAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6388_L1_Tile|1
TATGACAAAATGTCTTTTTTGGGTGGTTGATTTATCAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6393_L1_Tile|1
CAAAATGTCTTTTTTGGGTGGTTGATTTATCAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6398_L1_Tile|1
TGTCTTTTTTGGGTGGTTGATTTATCAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCCTATCCTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6403_L1_Tile|1
TTTTTGGGTGGTTGATTTATCAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCCTATCCTCTTGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6413_L1_Tile|1
TTGATTTATCAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCCTATCCTCTTGGTAGGCGCTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6418_L1_Tile|1
TTATCAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCCTATCCTCTTGGTAGGCGCTTTTTACAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6423_L1_Tile|1
AGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCCTATCCTCTTGGTAGGCGCTTTTTACATCAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6433_L1_Tile|1
TCCTCTGAATTAGGGGCCTATCCTCTTGGTAGGCGCTTTTTACATCAAACAGGGTCTGCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6453_L1_Tile|1
TCCTCTTGGTAGGCGCTTTTTACATCAAACAGGGTCTGCCCGCCTGCGCGCCCCCTAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6458_L1_Tile|1
TTGGTAGGCGCTTTTTACATCAAACAGGGTCTGCCCGCCTGCGCGCCCCCTAAAGCGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6468_L1_Tile|1
CTTTTTACATCAAACAGGGTCTGCCCGCCTGCGCGCCCCCTAAAGCGACCCCGTCCTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6473_L1_Tile|1
TACATCAAACAGGGTCTGCCCGCCTGCGCGCCCCCTAAAGCGACCCCGTCCTTCTACGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6518_L1_Tile|1
CCCGTCCTTCTACGCCTACCAGGCCTACCTCCAGGTCTTCCAAACGCCGACGCAGGCAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6523_L1_Tile|1
CCTTCTACGCCTACCAGGCCTACCTCCAGGTCTTCCAAACGCCGACGCAGGCAAGTTTAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5359_L1_Tile|1
ATTAGTCCTATTGCAGGTGCAGAGCATATTGAACTTCGCCCCCTTGACGCTTCCATTGCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5364_L1_Tile|1
TCCTATTGCAGGTGCAGAGCATATTGAACTTCGCCCCCTTGACGCTTCCATTGCTACTGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5379_L1_Tile|1
AGAGCATATTGAACTTCGCCCCCTTGACGCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5384_L1_Tile|1
ATATTGAACTTCGCCCCCTTGACGCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5389_L1_Tile|1
GAACTTCGCCCCCTTGACGCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5394_L1_Tile|1
TCGCCCCCTTGACGCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATTTATGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5399_L1_Tile|1
CCTTGACGCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATTTATGCTGATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5404_L1_Tile|1
CAGCCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATTTATGCTGATAATGGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5409_L1_Tile|1
TTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATTTATGCTGATAATGGCCACTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5414_L1_Tile|1
TTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATTTATGCTGATAATGGCCACTTGGACT

>HPV102_Alpha_71726718_nt5419_L1_Tile|1
ACTGCCCCAGGGGACTCCTTATATGATATTTATGCTGATAATGGCCACTTGGACTCCTTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5429_L1_Tile|1
GGGACTCCTTATATGATATTTATGCTGATAATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5434_L1_Tile|1
TCCTTATATGATATTTATGCTGATAATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5444_L1_Tile|1
ATATTTATGCTGATAATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5449_L1_Tile|1
TATGCTGATAATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5454_L1_Tile|1
TGATAATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5474_L1_Tile|1
CCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTTGAATCTACAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5484_L1_Tile|1
TCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTTGAATCTACAAATATTTTCAGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5489_L1_Tile|1
ATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTTGAATCTACAAATATTTTCAGCTACAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5504_L1_Tile|1
CTTCCACGTCTGTTCCCTTGAATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5509_L1_Tile|1
ACGTCTGTTCCCTTGAATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5514_L1_Tile|1
TGTTCCCTTGAATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5529_L1_Tile|1
TACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAGTACCACT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5534_L1_Tile|1
ATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAGTACCACTCTCTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5539_L1_Tile|1
TCAGCTACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAGTACCACTCTCTTCTGGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5544_L1_Tile|1
TACATCTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAGTACCACTCTCTTCTGGGTTTGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5549_L1_Tile|1
CTGTGGTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAGTACCACTCTCTTCTGGGTTTGATTTGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5554_L1_Tile|1
GTCTCTGCGCGGTATGACAATGTCACAGTACCACTCTCTTCTGGGTTTGATTTGCCTGCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5564_L1_Tile|1
GGTATGACAATGTCACAGTACCACTCTCTTCTGGGTTTGATTTGCCTGCATATACAGGCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5574_L1_Tile|1
TGTCACAGTACCACTCTCTTCTGGGTTTGATTTGCCTGCATATACAGGCCCTGACATTCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5579_L1_Tile|1
CAGTACCACTCTCTTCTGGGTTTGATTTGCCTGCATATACAGGCCCTGACATTCCAATTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5584_L1_Tile|1
CCACTCTCTTCTGGGTTTGATTTGCCTGCATATACAGGCCCTGACATTCCAATTGCCACT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5589_L1_Tile|1
CTCTTCTGGGTTTGATTTGCCTGCATATACAGGCCCTGACATTCCAATTGCCACTCCTAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5594_L1_Tile|1
CTGGGTTTGATTTGCCTGCATATACAGGCCCTGACATTCCAATTGCCACTCCTACTACCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5619_L1_Tile|1
AGGCCCTGACATTCCAATTGCCACTCCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5624_L1_Tile|1
CTGACATTCCAATTGCCACTCCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5629_L1_Tile|1
ATTCCAATTGCCACTCCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTCCCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5639_L1_Tile|1

CCACTCCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTTCCTTCCCAATCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5644_L1_Tile|1
CCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTTCCTTCCCAATCTGTGTTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5649_L1_Tile|1
TACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTTCCTTCCCAATCTGTGTTTGTGGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5669_L1_Tile|1
CCCAGTCCTCTAATGTTTCCTTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5679_L1_Tile|1
TAATGTTTCCTTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTATTGCCTAATTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5684_L1_Tile|1
TTCCTTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTATTGCCTAATTACTTAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5694_L1_Tile|1
ATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTATTGCCTAATTACTTATTCTTTCCTAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6219_L1_Tile|1
ACAATGTTTCTGTAGATTACAAACAAACCCAACTACTTATTATTGGGTGTAAACCCCTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6224_L1_Tile|1
GTTTCTGTAGATTACAAACAAACCCAACTACTTATTATTGGGTGTAAACCCCTATTGGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt6559_L1_Tile|1
GCATTTCTTTAACAGACATGGAACCATGGGCGAGGAACCTGCCTCCTATTACATACC
>HPV102_Alpha_71726718_nt6579_L1_Tile|1
GAACCATGGGCGAGGAACCTGCCTCCTATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6584_L1_Tile|1
ATGGGCGAGGAACCTGCCTCCTATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATAGACAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6589_L1_Tile|1
CGAGGAACCTGCCTCCTATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATAGACAAACTCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt6604_L1_Tile|1
CTCCTATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATAGACAAACTCCTACCAGTTATGTATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6609_L1_Tile|1
ATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATAGACAAACTCCTACCAGTTATGTATATGCCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt7109_L1_Tile|1
CCATATGATGGCCTTGCTTTTTTGGGAGGTGGATCTCAAAGACAAACTGTCTATGGATCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt7114_L1_Tile|1
TGATGGCCTTGCTTTTTTGGGAGGTGGATCTCAAAGACAAACTGTCTATGGATCTGGATCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4981_L1_Tile|1
TCTACCACCTTCTCAGCCAGTGGCTAAAATACTGCCTACTGATGAATACGTTGTGGAAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4986_L1_Tile|1
CACCTTCTCAGCCAGTGGCTAAAATACTGCCTACTGATGAATACGTTGTGGAAACGTCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4991_L1_Tile|1
TCTCAGCCAGTGGCTAAAATACTGCCTACTGATGAATACGTTGTGGAAACGTCTATTTTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4996_L1_Tile|1
GCCAGTGGCTAAAATACTGCCTACTGATGAATACGTTGTGGAAACGTCTATTTTCTTCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5016_L1_Tile|1
CTACTGATGAATACGTTGTGGAAACGTCTATTTTCTTCCATGCCTCCAGCGACCGCCTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5021_L1_Tile|1
GATGAATACGTTGTGGAAACGTCTATTTTCTTCCATGCCTCCAGCGACCGCCTGCTTACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5031_L1_Tile|1
TTGTGGAAACGTCTATTTTCTTCCATGCCTCCAGCGACCGCCTGCTTACTGTAGGACACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5076_L1_Tile|1
TTACTGTAGGACACCCATATTTTCCAATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5081_L1_Tile|1
GTAGGACACCCATATTTTCCAATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5086_L1_Tile|1
ACACCCATATTTTCCAATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5091_L1_Tile|1
CATATTTTCCAATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTA

>HPV103_Unclassified_109390382_nt5096_L1_Tile|1
TTTCCAATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5101_L1_Tile|1
AATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAATTCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5106_L1_Tile|1
CAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAATTCAGGGCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5116_L1_Tile|1
TGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAATTCAGGGCCTTTCACATCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5121_L1_Tile|1
GTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAATTCAGGGCCTTTCACATCCTTTTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5141_L1_Tile|1
GTATCTGGTAATCAATTCAGGGCCTTTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAAGTTGGCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5146_L1_Tile|1
TGGTAATCAATTCAGGGCCTTTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAAGTTGGCACTTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5151_L1_Tile|1
ATCAATTCAGGGCCTTTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAAGTTGGCACTTGTGGATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5161_L1_Tile|1
GGCCTTTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5166_L1_Tile|1
TTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATATAATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5171_L1_Tile|1
ATCCTTTTACCTGATCCTAACAAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5176_L1_Tile|1
TTTACCTGATCCTAACAAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5181_L1_Tile|1
CTGATCCTAACAAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGAACGGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5186_L1_Tile|1
CCTAACAAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGAACGGCTTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5191_L1_Tile|1
CAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTGGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5201_L1_Tile|1
CTTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTGGAAAGTTACGGGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5206_L1_Tile|1
GGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTGGAAAGTTACGGGGTCTGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5216_L1_Tile|1
ATATATAATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTGGAAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5221_L1_Tile|1
TAATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTGGAAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5226_L1_Tile|1
CCGAGTCAGAACGGCTTGTGGAAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGACCCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5231_L1_Tile|1
TCAGAACGGCTTGTGGAAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGACCCCTTAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5236_L1_Tile|1
ACGGCTTGTGGAAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGACCCCTTAGCGTTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5241_L1_Tile|1
TTGTTTGGAAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGACCCCTTAGCGTTGGCTCTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5246_L1_Tile|1
TGGAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGACCCCTTAGCGTTGGCTCTTCTGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5251_L1_Tile|1
GTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGACCCCTTAGCGTTGGCTCTTCTGGACACCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5261_L1_Tile|1
CTGGATATTGGTCGTGGTGGACCCCTTAGCGTTGGCTCTTCTGGACACCCCTTATTTAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5271_L1_Tile|1
GTCGTGGTGGACCCCTTAGCGTTGGCTCTTCTGGACACCCCTTATTTAATAAACTTAAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5276_L1_Tile|1

GGTGGACCCCTTAGCGTTGGCTCTTCTGGACACCCCTTTATTTAATAAACTTAAGGATACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5281_L1_Tile|1
ACCCCTTAGCGTTGGCTCTTCTGGACACCCCTTTATTTAATAAACTTAAGGATACTGAAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5301_L1_Tile|1
CTGGACACCCCTTTATTTAATAAACTTAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5306_L1_Tile|1
CACCCCTTTATTTAATAAACTTAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5311_L1_Tile|1
TTTATTTAATAAACTTAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5316_L1_Tile|1
TTAATAAACTTAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAAACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5321_L1_Tile|1
AAACTTAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAAACAGACAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5326_L1_Tile|1
TAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAAACAGACAAAGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5331_L1_Tile|1
ATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAAACAGACAAAGTGTCTCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5336_L1_Tile|1
GAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5341_L1_Tile|1
TCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5346_L1_Tile|1
ATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAGCAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5356_L1_Tile|1
TAAAACAGGAAAGGAAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAGCAAACTCAGCTATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5361_L1_Tile|1
CAGGAAAGGAAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAGCAAACTCAGCTATTTGTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5366_L1_Tile|1
AAGGAAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAGCAAACTCAGCTATTTGTAGTAGGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5406_L1_Tile|1
CTCAGCTATTTGTAGTAGGCTGTACTCCTTGTTTGGGGGAGCATTGGGATGCTGCAAAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5451_L1_Tile|1
GGGATGCTGCAAAGCCATGTGCAGATGCTAGGCAGGATATGGGTGCATGTCCTCCTTTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5466_L1_Tile|1
CATGTGCAGATGCTAGGCAGGATATGGGTGCATGTCCTCCTTTAGAGCTTGTTAGTTCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5471_L1_Tile|1
GCAGATGCTAGGCAGGATATGGGTGCATGTCCTCCTTTAGAGCTTGTTAGTTCCATTATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5566_L1_Tile|1
AATGAATTTTGCTACATTGCAGGAGGACCATTCAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5571_L1_Tile|1
ATTTTGCTACATTGCAGGAGGACCATTCAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTCTAAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5576_L1_Tile|1
GCTACATTGCAGGAGGACCATTCAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTCTAAATGTAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5581_L1_Tile|1
ATTGCAGGAGGACCATTCAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTCTAAATGTAAATGGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5586_L1_Tile|1
AGGAGGACCATTCAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTCTAAATGTAAATGGCCTGATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5591_L1_Tile|1
GACCATTCAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTCTAAATGTAAATGGCCTGATTTTCTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5596_L1_Tile|1
TTCAGGTGTACCCTTGGACATTGTAGCTTCTAAATGTAAATGGCCTGATTTTCTTAGAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5631_L1_Tile|1
GTAAATGGCCTGATTTTCTTAGAATGGCAAATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5636_L1_Tile|1
TGGCCTGATTTTCTTAGAATGGCAAATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTTCTTTGGA

>HPV103_Unclassified_109390382_nt5646_L1_Tile|1
TTCTTAGAATGGCAAATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGTGAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5651_L1_Tile|1
AGAATGGCAAATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGTGAGCAGTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5656_L1_Tile|1
GGCAAATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGTGAGCAGTTGTATGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5661_L1_Tile|1
ATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGTGAGCAGTTGTATGCTCGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5671_L1_Tile|1
TGGCAATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGTGAGCAGTTGTATGCTCGCCACTTTTTTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5676_L1_Tile|1
ATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGTGAGCAGTTGTATGCTCGCCACTTTTTTGCTAGGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5696_L1_Tile|1
AGACGTGAGCAGTTGTATGCTCGCCACTTTTTGCTAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5701_L1_Tile|1
TGAGCAGTTGTATGCTCGCCACTTTTTGCTAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGTATACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5716_L1_Tile|1
TCGCCACTTTTTGCTAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5721_L1_Tile|1
ACTTTTTTGCTAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5726_L1_Tile|1
TTTGCTAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGTTAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5731_L1_Tile|1
TAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGTTAAGCACAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5741_L1_Tile|1
GTCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGTTAAGCACACCTATATTTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5746_L1_Tile|1
GGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGTTAAGCACACCTATATTTTACAGGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5766_L1_Tile|1
CTGAATTTGAGGGTGTTAAGCACACCTATATTTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGACCAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5771_L1_Tile|1
TTTGAGGGTGTTAAGCACACCTATATTTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGACCAAAATACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5781_L1_Tile|1
TTAAGCACACCTATATTTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGACCAAAATACAGCCTCCTCGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5786_L1_Tile|1
CACACCTATATTTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGACCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5791_L1_Tile|1
CTATATTTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGACCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5811_L1_Tile|1
CTGACAAAGACCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5816_L1_Tile|1
AAAGACCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5821_L1_Tile|1
CCAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5826_L1_Tile|1
ATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAGTGATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5836_L1_Tile|1
CTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAGTGATTCTCAGTTGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5841_L1_Tile|1
CTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAGTGATTCTCAGTTGTTTGGCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5866_L1_Tile|1
ATCACTGGTTTCTAGTGATTCTCAGTTGTTTGGCAGACCATACTGGATACAAAAGGCTCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5886_L1_Tile|1
CTCAGTTGTTTGGCAGACCATACTGGATACAAAAGGCTCAGGGCCCTAATAATAGTGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5896_L1_Tile|1

TGGCAGACCATACTGGATACAAAAGGCTCAGGGCCCTAATAATAGTGTGTGTTGGAGAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5901_L1_Tile|1
GACCATACTGGATACAAAAGGCTCAGGGCCCTAATAATAGTGTGTGTTGGAGAAATAATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5941_L1_Tile|1
TGTGTGTTGGAGAAATAATTTATTTATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5946_L1_Tile|1
GTTGGAGAAATAATTTATTTATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5951_L1_Tile|1
AGAAATAATTTATTTATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAATAAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5956_L1_Tile|1
TAATTTATTTATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAATAAATGTTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5961_L1_Tile|1
TATTTATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAATAAATGTTAAGTCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5966_L1_Tile|1
ATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAATAAATGTTAAGTCAGACGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5971_L1_Tile|1
ATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAATAAATGTTAAGTCAGACGCTGGCGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5976_L1_Tile|1
TTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAATAAATGTTAAGTCAGACGCTGGCGTTGCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5986_L1_Tile|1
ACACAATGTAAATTTTACAATAAATGTTAAGTCAGACGCTGGCGTTGCACAGCAATATGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5991_L1_Tile|1
ATGTAAATTTTACAATAAATGTTAAGTCAGACGCTGGCGTTGCACAGCAATATGCTGCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6016_L1_Tile|1
GTCAGACGCTGGCGTTGCACAGCAATATGCTGCCACCAGCTATAAACATTATCTGCGACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6026_L1_Tile|1
GGCGTTGCACAGCAATATGCTGCCACCAGCTATAAACATTATCTGCGACATGTAGAGGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6031_L1_Tile|1
TGCACAGCAATATGCTGCCACCAGCTATAAACATTATCTGCGACATGTAGAGGAATTTGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6051_L1_Tile|1
CCAGCTATAAACATTATCTGCGACATGTAGAGGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6056_L1_Tile|1
TATAAACATTATCTGCGACATGTAGAGGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6061_L1_Tile|1
ACATTATCTGCGACATGTAGAGGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6071_L1_Tile|1
CGACATGTAGAGGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6081_L1_Tile|1
AGGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6086_L1_Tile|1
TTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATTAGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6091_L1_Tile|1
GATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6096_L1_Tile|1
CTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6101_L1_Tile|1
ATATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6106_L1_Tile|1
GCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATGGATCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6116_L1_Tile|1
AAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6121_L1_Tile|1
TCCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6131_L1_Tile|1
GCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTA

>HPV103_Unclassified_109390382_nt6136_L1_Tile|1
TGTATTAGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6141_L1_Tile|1
TAGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6146_L1_Tile|1
CATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6156_L1_Tile|1
TAATGGATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6161_L1_Tile|1
GATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6166_L1_Tile|1
AGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6171_L1_Tile|1
TAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6176_L1_Tile|1
GAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6181_L1_Tile|1
CTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6186_L1_Tile|1
AGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTAACAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6201_L1_Tile|1
CACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTAACATCTTTAGCCACACGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6211_L1_Tile|1
TTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTAACATCTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6216_L1_Tile|1
CTATTGGAGATACATACAGATTTTTTAACATCTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGCAGAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6226_L1_Tile|1
TACATACAGATTTTTTAACATCTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGCAGAACCTCCCAAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6241_L1_Tile|1
AACATCTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGCAGAACCTCCCAAGGAAAAACAGGACCCATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6246_L1_Tile|1
CTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGCAGAACCTCCCAAGGAAAAACAGGACCCATATGATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6346_L1_Tile|1
CTCTGATCTTGACAGATATCCTTTGGGTGCGAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6351_L1_Tile|1
ATCTTGACAGATATCCTTTGGGTGCGAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6356_L1_Tile|1
GACAGATATCCTTTGGGTGCGAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6361_L1_Tile|1
ATATCCTTTGGGTGCGAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6366_L1_Tile|1
CTTTGGGTGCGAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6376_L1_Tile|1
CAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6381_L1_Tile|1
TTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6386_L1_Tile|1
TCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6391_L1_Tile|1
AACTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6396_L1_Tile|1
GGGTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6401_L1_Tile|1
AGCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6406_L1_Tile|1

GTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6411_L1_Tile|1
CTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6416_L1_Tile|1
TCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTAAAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6421_L1_Tile|1
TAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTAAAAACGTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6426_L1_Tile|1
AGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTAAAAACGTAGACGGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6431_L1_Tile|1
TCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTAAAAACGTAGACGGGGGGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6434_L1_Tile|1
CGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTAAAAACGTAGACGGGGGGTTTAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt5675_L1_Tile|1
CTGGTCACCCACAGGCGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACATATTATTTATTGCCCTCAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5685_L1_Tile|1
CACAGGCGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACATATTATTTATTGCCCTCATATGTGTTGCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5895_L1_Tile|1
GCAGTTCCCGATTGCTGACCGTAGGTCATCCATATTATCCTATCAAAAAGCAAAGTGGAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5900_L1_Tile|1
TCCCGATTGCTGACCGTAGGTCATCCATATTATCCTATCAAAAAGCAAAGTGGACGGAAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5905_L1_Tile|1
ATTGCTGACCGTAGGTCATCCATATTATCCTATCAAAAAGCAAAGTGGACGGAACCTAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6270_L1_Tile|1
AACCGCCATTGGGCGAACACTGGGCAAAAGGCACTCCATGCAATACCTCCAATGTCACTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6275_L1_Tile|1
CCATTGGGCGAACACTGGGCAAAAGGCACTCCATGCAATACCTCCAATGTCACTGCAGGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6555_L1_Tile|1
TTAGGCATTTTTACAACAGGGCCGGTACCATGGGGGAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6560_L1_Tile|1
CATTTTTACAACAGGGCCGGTACCATGGGGGAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6565_L1_Tile|1
TTACAACAGGGCCGGTACCATGGGGGAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6570_L1_Tile|1
ACAGGGCCGGTACCATGGGGGAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6575_L1_Tile|1
GCCGGTACCATGGGGGAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6580_L1_Tile|1
TACCATGGGGGAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6590_L1_Tile|1
GAGGATGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCGCGCCTCTGCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6595_L1_Tile|1
TGTTCCGGAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCGCGCCTCTGCTACAAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6605_L1_Tile|1
GGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCGCGCCTCTGCTACAAGCTCACTATAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6610_L1_Tile|1
TTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCGCGCCTCTGCTACAAGCTCACTATATGGGTC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6995_L1_Tile|1
AATTTTGGGTTCGTTGCCCCCCCCTACCGCCAGTCTTGGCGATACCTATAGGTTTTTACAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt7070_L1_Tile|1
TGTCAAAAGCCCTCCGCGCGCCTGCAAAAGAAAAGGACCCTTACGATGGGCTTACGTTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7130_L1_Tile|1
TGGGATGTGGATTTATCAGAGCGCTTTTCCCTTGAGCTTGACCAGTTTCCCTTGGGTAGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt7240_L1_Tile|1
TAAGCGTCCTGCACCATCGTCCACCCACCAGCCACAAAGCGTAAACGGTCCAAGCGTTC

>HPV107_Beta_126131393_nt5829_L1_Tile|1
CACCATCAACTCCGGTGGCACGGGTGCTAAGTACCGATGAGTACGTGGAGCGGACCAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt5834_L1_Tile|1
TCAACTCCGGTGGCACGGGTGCTAAGTACCGATGAGTACGTGGAGCGGACCAATATATTT
>HPV107_Beta_126131393_nt5839_L1_Tile|1
TCCGGTGGCACGGGTGCTAAGTACCGATGAGTACGTGGAGCGGACCAATATATTTTTATCA
>HPV107_Beta_126131393_nt5849_L1_Tile|1
CGGGTGTCTAAGTACCGATGAGTACGTGGAGCGGACCAATATATTTTTATCACGCCACTAGT
>HPV107_Beta_126131393_nt5854_L1_Tile|1
GCTAAGTACCGATGAGTACGTGGAGCGGACCAATATATTTTTATCACGCCACTAGTGACAG
>HPV107_Beta_126131393_nt5859_L1_Tile|1
GTACCGATGAGTACGTGGAGCGGACCAATATATTTTTATCACGCCACTAGTGACAGATTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt5864_L1_Tile|1
GATGAGTACGTGGAGCGGACCAATATATTTTTATCACGCCACTAGTGACAGATTATTAACA
>HPV107_Beta_126131393_nt6154_L1_Tile|1
TTTGTTCATAAGGTAAAGGACACTGAAAATACAAATAGCTATCAAAACAGTTCAACAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6159_L1_Tile|1
TCAATAAGGTAAAGGACACTGAAAATACAAATAGCTATCAAAACAGTTCAACAGATGATA
>HPV107_Beta_126131393_nt6164_L1_Tile|1
AAGGTAAAGGACACTGAAAATACAAATAGCTATCAAAACAGTTCAACAGATGATAGACAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6274_L1_Tile|1
ACCATGTTTATAGGGGAATATTGGGATAGGGCACTGCCATGCGATGATGCTGGTGACCAACA
>HPV107_Beta_126131393_nt6284_L1_Tile|1
GGGGAATATTGGGATAGGGCACTGCCATGCGATGATGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6294_L1_Tile|1
GGGATAGGGCACTGCCATGCGATGATGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATTG
>HPV107_Beta_126131393_nt6299_L1_Tile|1
AGGGCACTGCCATGCGATGATGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATTGAATTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6304_L1_Tile|1
ACTGCCATGCGATGATGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATTGAATTAAAAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6314_L1_Tile|1
GATGATGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATTGAATTAAAAAATCTTTTATA
>HPV107_Beta_126131393_nt6319_L1_Tile|1
TGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATTGAATTAAAAAATCTTTTATAGAAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6364_L1_Tile|1
TTCTTTTATAGAAGATGGGGATATGATAGATATTGGGTTTGGCAATATAAATAACAAGAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6374_L1_Tile|1
GAAGATGGGGATATGATAGATATTGGGTTTGGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6379_L1_Tile|1
TGGGGATATGATAGATATTGGGTTTGGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6384_L1_Tile|1
ATATGATAGATATTGGGTTTGGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATCAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6389_L1_Tile|1
ATAGATATTGGGTTTGGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATCAGATGTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6394_L1_Tile|1
TATTGGGTTTGGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATCAGATGTTAGTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6399_L1_Tile|1
GGTTTGGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATCAGATGTTAGTTTATAGATT
>HPV107_Beta_126131393_nt6404_L1_Tile|1
GGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATCAGATGTTAGTTTATAGATTTAGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6409_L1_Tile|1
TATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATCAGATGTTAGTTTATAGATTTAGTAAATGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6559_L1_Tile|1
TAGACATTATTTCACTAGAGGAGGAGCTGTGGGTGATGCTATACCTGATACAACAATAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6564_L1_Tile|1

ATTATTTCACTAGAGGAGGAGCTGTGGGTGATGCTATACCTGATACAACAACCTAATCAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6579_L1_Tile|1
GAGGAGCTGTGGGTGATGCTATACCTGATACAACAACCTAATCAAGATCACAATACTATA
>HPV107_Beta_126131393_nt6584_L1_Tile|1
GCTGTGGGTGATGCTATACCTGATACAACAACCTAATCAAGATCACAATACTATATAGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6589_L1_Tile|1
GGGTGATGCTATACCTGATACAACAACCTAATCAAGATCACAATACTATATAGCACCTAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6594_L1_Tile|1
ATGCTATACCTGATACAACAACCTAATCAAGATCACAATACTATATAGCACCTAAGAGTG
>HPV107_Beta_126131393_nt6599_L1_Tile|1
ATACCTGATACAACAACCTAATCAAGATCACAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6609_L1_Tile|1
CAACAACCTAATCAAGATCACAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTC
>HPV107_Beta_126131393_nt6614_L1_Tile|1
ACTAATCAAGATCACAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCTTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt6624_L1_Tile|1
ATCACAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCTTTGGGTAATTCTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6629_L1_Tile|1
AAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6634_L1_Tile|1
CTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCC
>HPV107_Beta_126131393_nt6639_L1_Tile|1
TAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCG
>HPV107_Beta_126131393_nt6654_L1_Tile|1
GACAATCCCAAAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCGTTAGTGGCTCCTTAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6659_L1_Tile|1
TCCCAAAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCGTTAGTGGCTCCTTAGTTTCT
>HPV107_Beta_126131393_nt6664_L1_Tile|1
AAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCGTTAGTGGCTCCTTAGTTTCTTCTGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6669_L1_Tile|1
CTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCGTTAGTGGCTCCTTAGTTTCTTCTGATGCAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6699_L1_Tile|1
TTAGTGGCTCCTTAGTTTCTTCTGATGCACAGCTCTTTAACAGACCCCTTCTGGTTGAAAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6809_L1_Tile|1
ACTGTTGCAGACAATACAAGGAACACCAATTTTACTATAAGTGTGCCTAGTCAAAATGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6839_L1_Tile|1
TTTACTATAAGTGTGCCTAGTCAAAATGGACCCCTTACAGAATATGATGCCAATAATATC
>HPV107_Beta_126131393_nt6844_L1_Tile|1
TATAAGTGTGCCTAGTCAAAATGGACCCCTTACAGAATATGATGCCAATAATATCAGGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6849_L1_Tile|1
GTGTGCCTAGTCAAAATGGACCCCTTACAGAATATGATGCCAATAATATCAGGGAATTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6854_L1_Tile|1
CCTAGTCAAAATGGACCCCTTACAGAATATGATGCCAATAATATCAGGGAATTTTAAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6879_L1_Tile|1
AATATGATGCCAATAATATCAGGGAATTTTAAAGGCATGTTGAGGAATATCAAATATCTG
>HPV107_Beta_126131393_nt6884_L1_Tile|1
GATGCCAATAATATCAGGGAATTTTAAAGGCATGTTGAGGAATATCAAATATCTGTAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt6909_L1_Tile|1
TAAGGCATGTTGAGGAATATCAAATATCTGTAATACTGCAACTTTGTAAAGTGTCTTTAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6914_L1_Tile|1
CATGTTGAGGAATATCAAATATCTGTAATACTGCAACTTTGTAAAGTGTCTTTACAACCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6919_L1_Tile|1
TGAGGAATATCAAATATCTGTAATACTGCAACTTTGTAAAGTGTCTTTACAACCAGATGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6934_L1_Tile|1
ATCTGTAATACTGCAACTTTGTAAAGTGTCTTTACAACCAGATGTGTTAGCCCAAATTAA

>HPV107_Beta_126131393_nt6939_L1_Tile|1
TAATACTGCAACTTTGTAAAGTGTCTTTACAACCAGATGTGTTAGCCCCAAATTAATGCTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6944_L1_Tile|1
CTGCAACTTTGTAAAGTGTCTTTACAACCAGATGTGTTAGCCCCAAATTAATGCTATGAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6954_L1_Tile|1
GTAAAGTGTCTTTACAACCAGATGTGTTAGCCCCAAATTAATGCTATGAATTCAGGCATTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6959_L1_Tile|1
GTGTCTTTACAACCAGATGTGTTAGCCCCAAATTAATGCTATGAATTCAGGCATTTTGGAA
>HPV107_Beta_126131393_nt7124_L1_Tile|1
GAAAAGGAAGATCCTTTTGTCTCAATACTTTTCTGGAGAGTTGATATGACAGAAAAATTA
>HPV107_Beta_126131393_nt7184_L1_Tile|1
TCTTTGGATTTAGATCAGTATCCTTTAGGACGTAAATTCCTATTCCAAACAACACTACCT
>HPV107_Beta_126131393_nt7194_L1_Tile|1
TAGATCAGTATCCTTTAGGACGTAAATTCCTATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAA
>HPV107_Beta_126131393_nt7199_L1_Tile|1
CAGTATCCTTTAGGACGTAAATTCCTATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGT
>HPV107_Beta_126131393_nt7209_L1_Tile|1
TAGGACGTAAATTCCTATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGA
>HPV107_Beta_126131393_nt7219_L1_Tile|1
ATTCTATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGACCACCAAATC
>HPV107_Beta_126131393_nt7224_L1_Tile|1
TATTCCAAACAACACTACCTGCCTCTCGAAAACGTGCAGCGCCGACCACCAAATCGGTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt7253_L1_Tile|1
AAACGTGCAGCGCCGACCACCAAATCGGTTGCAAAGCATAGCAAACGAAAACGTACTTGA
>HPV11_Alpha_333026_nt5892_L1_Tile|1
CTCCTTGCTGTGGGACATCCATATTACTCTATCAAAAAAGTTAACAAAACAGTTGTACCA
>HPV11_Alpha_333026_nt5897_L1_Tile|1
TGCTGTGGGACATCCATATTACTCTATCAAAAAAGTTAACAAAACAGTTGTACCAAAGGT
>HPV11_Alpha_333026_nt5902_L1_Tile|2
TGGGACATCCATATTACTCTATCAAAAAAGTTAACAAAACAGTTGTACCAAAGGTGTCTG
>HPV11_Alpha_333026_nt6002_L1_Tile|2
TAACAAGTTTGCATTACCTGATTCATCCCTGTTTGACCCCACTACACAGCGTTTAGTATG
>HPV11_Alpha_333026_nt6117_L1_Tile|1
GGGCATCCATTGCTAAACAAATATGATGATGTAGAAAATAGTGGTGGGTATGGTGGTAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6272_L1_Tile|1
TAAGGGTACACAATGTTCAAATACCTCTGTACAAAATGGTGACTGCCCCCGTTGGAAC
>HPV11_Alpha_333026_nt6277_L1_Tile|1
GTACACAATGTTCAAATACCTCTGTACAAAATGGTGACTGCCCCCGTTGGAAC TTATTA
>HPV11_Alpha_333026_nt6392_L1_Tile|1
TGCAGACTTACAAACCAATAAATCGGATGTTCCCTTGATATTTGTGGAACGTCTGCAA
>HPV11_Alpha_333026_nt6547_L1_Tile|1
ATAGGGCCGGTACTGTGGGGGAACCTGTGCCTGATGACCTGTTGGTAAAAGGGGGTAATA
>HPV11_Alpha_333026_nt6557_L1_Tile|1
TACTGTGGGGGAACCTGTGCCTGATGACCTGTTGGTAAAAGGGGGTAATAACAGATCATC
>HPV11_Alpha_333026_nt6572_L1_Tile|1
TGTGCCTGATGACCTGTTGGTAAAAGGGGGTAATAACAGATCATCTGTAGCTAGTAGTAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6577_L1_Tile|1
CTGATGACCTGTTGGTAAAAGGGGGTAATAACAGATCATCTGTAGCTAGTAGTATTTATG
>HPV11_Alpha_333026_nt6582_L1_Tile|2
GACCTGTTGGTAAAAGGGGGTAATAACAGATCATCTGTAGCTAGTAGTATTTATGTACAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6592_L1_Tile|1
TAAAAGGGGGTAATAACAGATCATCTGTAGCTAGTAGTATTTATGTACATACACCTAGTG
>HPV11_Alpha_333026_nt6607_L1_Tile|1
ACAGATCATCTGTAGCTAGTAGTATTTATGTACATACACCTAGTGGCTCATTTGGTGTCTT
>HPV11_Alpha_333026_nt6622_L1_Tile|2

CTAGTAGTATTTATGTACATACACCTAGTGGCTCATTGGTGTCTTCAGAGGCTCAATTAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6777_L1_Tile|1
AGTACAAATATGACACTATGTGCATCTGTGTCTAAATCTGCTACATACACTAATTCAGAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6782_L1_Tile|2
AAATATGACACTATGTGCATCTGTGTCTAAATCTGCTACATACACTAATTCAGATTATAA
>HPV11_Alpha_333026_nt6787_L1_Tile|1
TGACACTATGTGCATCTGTGTCTAAATCTGCTACATACACTAATTCAGATTATAAGGAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6792_L1_Tile|1
CTATGTGCATCTGTGTCTAAATCTGCTACATACACTAATTCAGATTATAAGGAATACATG
>HPV11_Alpha_333026_nt6797_L1_Tile|1
TGCATCTGTGTCTAAATCTGCTACATACACTAATTCAGATTATAAGGAATACATGCGCCA
>HPV11_Alpha_333026_nt7142_L1_Tile|2
GTTTCCCCTTGGACGTAAGTTTTTATTGCAAAGTGGATATCGAGGACGGACGTCTGCTCG
>HPV11_Alpha_333026_nt7182_L1_Tile|2
CGAGGACGGACGTCTGCTCGTACAGGTATAAAGCGCCAGCTGTGTCTAAGCCCTCTACA
>HPV11_Alpha_333026_nt7197_L1_Tile|1
GCTCGTACAGGTATAAAGCGCCAGCTGTGTCTAAGCCCTCTACAGCCCCCAAACGAAAA
>HPV11_Alpha_333026_nt7207_L1_Tile|1
GTATAAAGCGCCAGCTGTGTCTAAGCCCTCTACAGCCCCCAAACGAAAAACGTACCAAAA
>HPV110_Beta_186461194_nt5847_L1_Tile|1
TGGCGCAAAAATAGAAGTCCCTAAGGTATCAGGAAATCAATACAGAGCATTCCGGGTGCA
>HPV110_Beta_186461194_nt6062_L1_Tile|2
ATACTGAAAATTCTAGCAATTATCAAGCAGGCTCTACTGATGACAGGCAGAATACTTCAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6167_L1_Tile|1
GTATGGGAGAGCATTGGGACAAAGCTCCTGTTTGTGAATCAGAAGCAGGTAATCAGTTAG
>HPV110_Beta_186461194_nt6172_L1_Tile|1
GGAGAGCATTGGGACAAAGCTCCTGTTTGTGAATCAGAAGCAGGTAATCAGTTAGGTTTA
>HPV110_Beta_186461194_nt6482_L1_Tile|2
GGGATGCAATACCTGATGGTGCAGTGAATCAAAATCATAACTATTTCTTGCCAGCAAAGC
>HPV110_Beta_186461194_nt6487_L1_Tile|1
GCAATACCTGATGGTGCAGTGAATCAAAATCATAACTATTTCTTGCCAGCAAAGCAAGAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6507_L1_Tile|1
GAATCAAAATCATAACTATTTCTTGCCAGCAAAGCAAGATCAACAACAACGCACACTAGC
>HPV110_Beta_186461194_nt6512_L1_Tile|1
AAAATCATAACTATTTCTTGCCAGCAAAGCAAGATCAACAACAACGCACACTAGCAAAC
>HPV110_Beta_186461194_nt6517_L1_Tile|1
CATAACTATTTCTTGCCAGCAAAGCAAGATCAACAACAACGCACACTAGCAAACCTCTACA
>HPV110_Beta_186461194_nt6532_L1_Tile|1
CCAGCAAAGCAAGATCAACAACAACGCACACTAGCAAACCTCTACATATTTTCCAACAGTA
>HPV110_Beta_186461194_nt6537_L1_Tile|1
AAAGCAAGATCAACAACAACGCACACTAGCAAACCTCTACATATTTTCCAACAGTAAGTGG
>HPV110_Beta_186461194_nt6557_L1_Tile|1
GCACACTAGCAAACCTCTACATATTTTCCAACAGTAAGTGGTTCTCTAGTTACTTCAGATG
>HPV110_Beta_186461194_nt6697_L1_Tile|1
ATAACTGTTGCTGATAATACTCGTAATACTAATTTTTCAATTAGTGTTACTACAGAAGCT
>HPV110_Beta_186461194_nt6702_L1_Tile|2
TGTTGCTGATAATACTCGTAATACTAATTTTTCAATTAGTGTTACTACAGAAGCTGGAGC
>HPV110_Beta_186461194_nt6707_L1_Tile|1
CTGATAATACTCGTAATACTAATTTTTCAATTAGTGTTACTACAGAAGCTGGAGCAACTG
>HPV110_Beta_186461194_nt6712_L1_Tile|1
AATACTCGTAATACTAATTTTTCAATTAGTGTTACTACAGAAGCTGGAGCAACTGAATAC
>HPV110_Beta_186461194_nt6717_L1_Tile|1
TCGTAATACTAATTTTTCAATTAGTGTTACTACAGAAGCTGGAGCAACTGAATACAATTC
>HPV110_Beta_186461194_nt6722_L1_Tile|2
ATACTAATTTTTCAATTAGTGTTACTACAGAAGCTGGAGCAACTGAATACAATTCACAAA

>HPV110_Beta_186461194_nt6727_L1_Tile|1
AATTTTTCAATTAGTGTACTACAGAAGCTGGAGCAACTGAATACAATTCACAAAATATA
>HPV110_Beta_186461194_nt6732_L1_Tile|1
TTCAATTAGTGTACTACAGAAGCTGGAGCAACTGAATACAATTCACAAAATATAAGAGA
>HPV110_Beta_186461194_nt6742_L1_Tile|2
GTTACTACAGAAGCTGGAGCAACTGAATACAATTCACAAAATATAAGAGAATTTCTTTAGA
>HPV110_Beta_186461194_nt6752_L1_Tile|1
AAGCTGGAGCAACTGAATACAATTCACAAAATATAAGAGAATTTCTTTAGACATGTAGAGG
>HPV110_Beta_186461194_nt6772_L1_Tile|1
AATTCACAAAATATAAGAGAATTTCTTTAGACATGTAGAGGAATATCAACTTTCTTTAATA
>HPV110_Beta_186461194_nt6777_L1_Tile|1
ACAAAATATAAGAGAATTTCTTTAGACATGTAGAGGAATATCAACTTTCTTTAATACTGCA
>HPV110_Beta_186461194_nt6782_L1_Tile|2
ATATAAGAGAATTTCTTTAGACATGTAGAGGAATATCAACTTTCTTTAATACTGCAATTAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6792_L1_Tile|1
ATTTCTTAGACATGTAGAGGAATATCAACTTTCTTTAATACTGCAATTATGTAAGGTACC
>HPV110_Beta_186461194_nt6802_L1_Tile|2
CATGTAGAGGAATATCAACTTTCTTTAATACTGCAATTATGTAAGGTACCCTTAAAAGCA
>HPV110_Beta_186461194_nt6807_L1_Tile|1
AGAGGAATATCAACTTTCTTTAATACTGCAATTATGTAAGGTACCCTTAAAAGCAGAGGT
>HPV110_Beta_186461194_nt6812_L1_Tile|1
AATATCAACTTTCTTTAATACTGCAATTATGTAAGGTACCCTTAAAAGCAGAGGTTTTAA
>HPV110_Beta_186461194_nt6817_L1_Tile|1
CAACTTTCTTTAATACTGCAATTATGTAAGGTACCCTTAAAAGCAGAGGTTTTAACACAA
>HPV110_Beta_186461194_nt6822_L1_Tile|2
TTCTTTAATACTGCAATTATGTAAGGTACCCTTAAAAGCAGAGGTTTTAACACAAATTAA
>HPV110_Beta_186461194_nt7107_L1_Tile|1
ATTTTTATTTCAGGCTGGTTTACAAAGTCGACCTCGCTCTGTAAGGACATCTGTTAAGGT
>HPV110_Beta_186461194_nt7112_L1_Tile|1
TATTTTCAGGCTGGTTTACAAAGTCGACCTCGCTCTGTAAGGACATCTGTTAAGGTCTCTA
>HPV110_Beta_186461194_nt7117_L1_Tile|1
CAGGCTGGTTTACAAAGTCGACCTCGCTCTGTAAGGACATCTGTTAAGGTCTCTAAGGGT
>HPV110_Beta_186461194_nt7127_L1_Tile|1
TACAAAGTCGACCTCGCTCTGTAAGGACATCTGTTAAGGTCTCTAAGGGTACCAAACGCA
>HPV110_Beta_186461194_nt7137_L1_Tile|1
ACCTCGCTCTGTAAGGACATCTGTTAAGGTCTCTAAGGGTACCAAACGCAAACGGTCGTG
>HPV110_Beta_186461194_nt7138_L1_Tile|1
CCTCGCTCTGTAAGGACATCTGTTAAGGTCTCTAAGGGTACCAAACGCAAACGGTCGTGA
>HPV111_Beta_186461202_nt5988_L1_Tile|1
ATTATTTAATAAGGTTCTGTGACACTGAAAATTCAGTAATTATCAAGCTGTGACACAAGA
>HPV111_Beta_186461202_nt5993_L1_Tile|1
TTAATAAGGTTCTGTGACACTGAAAATTCAGTAATTATCAAGCTGTGACACAAGATGATA
>HPV111_Beta_186461202_nt6128_L1_Tile|1
GGGACAAAAGCAAAACCCTGTGATGATGCAGGAAACCAGCAAGGCTTATGCCCCCAATTG
>HPV111_Beta_186461202_nt6133_L1_Tile|1
AAAGCAAAACCCTGTGATGATGCAGGAAACCAGCAAGGCTTATGCCCCCAATTGAATTA
>HPV111_Beta_186461202_nt6138_L1_Tile|1
AAAACCCTGTGATGATGCAGGAAACCAGCAAGGCTTATGCCCCCAATTGAATTAAAGAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6148_L1_Tile|1
GATGATGCAGGAAACCAGCAAGGCTTATGCCCCCAATTGAATTAAAGAATTCTGTAATA
>HPV111_Beta_186461202_nt6158_L1_Tile|1
GAAACCAGCAAGGCTTATGCCCCCAATTGAATTAAAGAATTCTGTAATAGAGGATGGAG
>HPV111_Beta_186461202_nt6168_L1_Tile|1
AGGCTTATGCCCCCAATTGAATTAAAGAATTCTGTAATAGAGGATGGAGACATGTTTGA
>HPV111_Beta_186461202_nt6288_L1_Tile|1

AGATATTGTCAATGAAGTATGTAAATACCCTGACTTCCTAACTATGGCTAATGACGTCTA
>HPV111_Beta_186461202_nt6293_L1_Tile|1
TTGTCAATGAAGTATGTAAATACCCTGACTTCCTAACTATGGCTAATGACGTCTATGGGG
>HPV111_Beta_186461202_nt6418_L1_Tile|1
AATGTAGGAGATGCAATTCCAGATGCAGCAGTGCACAACAAATCACAATTATTATCTGCCA
>HPV111_Beta_186461202_nt6423_L1_Tile|1
AGGAGATGCAATTCCAGATGCAGCAGTGCACAACAAATCACAATTATTATCTGCCAGCACA
>HPV111_Beta_186461202_nt6433_L1_Tile|1
ATTCCAGATGCAGCAGTGCACAACAAATCACAATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6448_L1_Tile|1
GTGCAACAAATCACAATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAACATTTTG
>HPV111_Beta_186461202_nt6453_L1_Tile|1
ACAAATCACAATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAACATTTTGGGTAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6458_L1_Tile|1
ATCACAATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAACATTTTGGGTAACTCCA
>HPV111_Beta_186461202_nt6463_L1_Tile|1
AATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAACATTTTGGGTAACTCCATTTAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6468_L1_Tile|1
TTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAACATTTTGGGTAACTCCATTTATTATCC
>HPV111_Beta_186461202_nt6478_L1_Tile|1
GCACAGGGTAATCAACAACAAACATTTTGGGTAACTCCATTTATTATCCTACTGTTAGT
>HPV111_Beta_186461202_nt6493_L1_Tile|1
CAACAACAAACATTTTGGGTAACTCCATTTATTATCCTACTGTTAGTGGTTCTCTTGTACT
>HPV111_Beta_186461202_nt6633_L1_Tile|1
AATGTTTATAACAGTAGCAGATAATACCAGAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCAC
>HPV111_Beta_186461202_nt6638_L1_Tile|1
TTATAACAGTAGCAGATAATACCAGAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAG
>HPV111_Beta_186461202_nt6643_L1_Tile|1
ACAGTAGCAGATAATACCAGAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6648_L1_Tile|1
AGCAGATAATACCAGAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACA
>HPV111_Beta_186461202_nt6658_L1_Tile|1
ACCAGAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACAGCAATATAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6663_L1_Tile|1
AAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACAGCAATATAATGCTAG
>HPV111_Beta_186461202_nt6668_L1_Tile|1
CTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACAGCAATATAATGCTAGTAATA
>HPV111_Beta_186461202_nt6673_L1_Tile|1
TTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACAGCAATATAATGCTAGTAATATTAGA
>HPV111_Beta_186461202_nt6678_L1_Tile|1
TATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACAGCAATATAATGCTAGTAATATTAGAGAATA
>HPV111_Beta_186461202_nt6748_L1_Tile|1
GTAGAAGAATATCAATTGTCTTTGATTCTTCAACTATGTAAAGTTTCTTTAGTTCCAGAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6753_L1_Tile|1
AGAATATCAATTGTCTTTGATTCTTCAACTATGTAAAGTTTCTTTAGTTCCAGAAGTTTT
>HPV111_Beta_186461202_nt6763_L1_Tile|1
TTGTCTTTGATTCTTCAACTATGTAAAGTTTCTTTAGTTCCAGAAGTTTTATCTCAAATC
>HPV111_Beta_186461202_nt6768_L1_Tile|1
TTTGATTCTTCAACTATGTAAAGTTTCTTTAGTTCCAGAAGTTTTATCTCAAATCAATGC
>HPV111_Beta_186461202_nt7053_L1_Tile|1
TTTATTCCAGGCTGGTTTACAAACACGAAAACGGACTTTAAACCTTCGTCTGTGAAATC
>HPV111_Beta_186461202_nt7058_L1_Tile|1
TCCAGGCTGGTTTACAAACACGAAAACGGACTTTAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTA
>HPV111_Beta_186461202_nt7063_L1_Tile|1
GCTGGTTTACAAACACGAAAACGGACTTTAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTAAATCT

>HPV111_Beta_186461202_nt7068_L1_Tile|1
TTTACAAACACGAAAACGGACTTTAAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTAAATCTGCAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt7083_L1_Tile|1
ACGGACTTTAAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTAAATCTGCAAAACGCAGACGCACCTA
>HPV111_Beta_186461202_nt7084_L1_Tile|1
CGGACTTTAAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTAAATCTGCAAAACGCAGACGCACCTAA
>HPV12_Beta_396910_nt6165_L1_Tile|1
AATAAGTAGGGGTCAGCCTTTAGGCGTTGGAAGTACTGGACATCCCTATTTTAACAAAAT
>HPV12_Beta_396910_nt6205_L1_Tile|1
CATCCCTATTTTAACAAAATTAAAGACACGGAAAACCTCAAATAACTATGCCACAGGCAGT
>HPV12_Beta_396910_nt6220_L1_Tile|1
AAAATTAAAAGACACGGAAAACCTCAAATAACTATGCCACAGGCAGTAAGGATGATAGACAG
>HPV12_Beta_396910_nt6235_L1_Tile|1
GAAAACCTCAAATAACTATGCCACAGGCAGTAAGGATGATAGACAGAACACATCATTGAT
>HPV12_Beta_396910_nt6330_L1_Tile|1
ACCTTGTGTGGGAGAACACTGGGAGAAAGCCTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAA
>HPV12_Beta_396910_nt6335_L1_Tile|1
GTGTGGGAGAACACTGGGAGAAAGCCTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTG
>HPV12_Beta_396910_nt6340_L1_Tile|1
GGAGAACACTGGGAGAAAGCCTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGTTGC
>HPV12_Beta_396910_nt6350_L1_Tile|1
GGGAGAAAGCCTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGTTGCCCTCCCATAG
>HPV12_Beta_396910_nt6355_L1_Tile|1
AAAGCCTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTGTTGCCCTCCCATAGAGTTA
>HPV12_Beta_396910_nt6375_L1_Tile|1
TGCACCAGCTGAAAATGGTGTGTTGCCCTCCCATAGAGTTAAAGAACACTTTCATTGAAGA
>HPV12_Beta_396910_nt6380_L1_Tile|1
CAGCTGAAAATGGTGTGTTGCCCTCCCATAGAGTTAAAGAACACTTTCATTGAAGATGGTG
>HPV12_Beta_396910_nt6895_L1_Tile|1
AACACCAATTTACGTATATCTATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAAT
>HPV12_Beta_396910_nt6900_L1_Tile|1
CAATTTACGTATATCTATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGA
>HPV12_Beta_396910_nt6905_L1_Tile|1
TCAGTATATCTATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATTCTC
>HPV12_Beta_396910_nt6910_L1_Tile|1
ATATCTATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATTCTCAAAAA
>HPV12_Beta_396910_nt6915_L1_Tile|1
TATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATTCTCAAAAAATTTAG
>HPV12_Beta_396910_nt6920_L1_Tile|1
ACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATTCTCAAAAAATTTAGAGAAT
>HPV12_Beta_396910_nt6925_L1_Tile|1
GATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATTCTCAAAAAATTTAGAGAATATTTA
>HPV12_Beta_396910_nt7075_L1_Tile|1
AACTCTTCTTTGCTGGAGGACTGGCAATTAGGCTTCGTGCCAACTCCTGACAATCCTATT
>HPV12_Beta_396910_nt7100_L1_Tile|1
AATTAGGCTTCGTGCCAACTCCTGACAATCCTATTTCATGACACATACAGATATATCGAAT
>HPV12_Beta_396910_nt7105_L1_Tile|1
GGCTTCGTGCCAACTCCTGACAATCCTATTTCATGACACATACAGATATATCGAATCTCTG
>HPV12_Beta_396910_nt7200_L1_Tile|1
AAAGCCGGACCCTTATGATGGCTTAAGTTTTTGGACTGTAGATATGACTGAGAGACTTTC
>HPV12_Beta_396910_nt7205_L1_Tile|1
CGGACCCTTATGATGGCTTAAGTTTTTGGACTGTAGATATGACTGAGAGACTTTCCTTTAG
>HPV12_Beta_396910_nt7230_L1_Tile|1
TTGGACTGTAGATATGACTGAGAGACTTTCCTTTAGACCTGGATCAGTATTCCTTAGGGCG
>HPV12_Beta_396910_nt7260_L1_Tile|1

TTTAGACCTGGATCAGTATTCTTAGGGCGCAAGTTCTTATTCCAGGCTGGCCTCCAACA
>HPV12_Beta_396910_nt7325_L1_Tile|1
CCGTTAACGGTACAACAAAATCATCAAGCTATAGAAGTTCCATAAGGGGGACCAAAAGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5873_L1_Tile|1
TGGGAAATCCTTATTTTCTATTAAAGAAACAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt5878_L1_Tile|1
AATCCTTATTTTCTATTAAAGAAACAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTGGTTAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt5883_L1_Tile|1
TTATTTTCTTATTAAGAAACAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTGGTTATCAGTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt5888_L1_Tile|1
TTCCTATTAAGAAACAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTGGTTATCAGTTTAGGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt5893_L1_Tile|1
ATTAAGAAACAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTGGTTATCAGTTTAGGGTATTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6253_L1_Tile|1
CAATGTACTGGTGTAATGTACAACCTGGAGATTGCCCTCCTTTAGAATTAATTAGTAGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6503_L1_Tile|1
CAAGGCATTTCTTTAACAGGGCAGGCTCTGTTGGTGAACCTAATCCCAGCAGAATTATATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6508_L1_Tile|1
CATTTCTTTAACAGGGCAGGCTCTGTTGGTGAACCTAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6513_L1_Tile|1
CTTTAACAGGGCAGGCTCTGTTGGTGAACCTAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6523_L1_Tile|1
GCAGGCTCTGTTGGTGAACCTAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6528_L1_Tile|1
CTCTGTTGGTGAACCTAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6533_L1_Tile|1
TTGGTGAACCTAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6538_L1_Tile|1
GAACCTAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6543_L1_Tile|1
AATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6548_L1_Tile|1
CAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATAAATACTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6553_L1_Tile|1
GAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATAAATACTCCCAGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6558_L1_Tile|1
ATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATAAATACTCCCAGTGGCTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6563_L1_Tile|1
TTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATAAATACTCCCAGTGGCTCTCTTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6743_L1_Tile|1
CTAACATGACTGTGTGTGCAGCCACTACATCATCTCTTTCAGACACATATAAGGCCACAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6748_L1_Tile|1
ATGACTGTGTGTGCAGCCACTACATCATCTCTTTCAGACACATATAAGGCCACAGAATAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6753_L1_Tile|1
TGTGTGTGCAGCCACTACATCATCTCTTTCAGACACATATAAGGCCACAGAATATAAACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6763_L1_Tile|1
GCCACTACATCATCTCTTTCAGACACATATAAGGCCACAGAATATAAACAGTACATGCGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6913_L1_Tile|1
CCTACAATTCTAGAAGACTGGAACCTTGGGCTATCTCCCCCTCCTAATGGAACATTGGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6928_L1_Tile|1
GACTGGAACCTTGGGCTATCTCCCCCTCCTAATGGAACATTGGAAGACACATATAGATAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6933_L1_Tile|1
GAACTTTGGGCTATCTCCCCCTCCTAATGGAACATTGGAAGACACATATAGATATGTACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6938_L1_Tile|1
TTGGGCTATCTCCCCCTCCTAATGGAACATTGGAAGACACATATAGATATGTACAATCTC

>HPV13_Alpha_85827580_nt6943_L1_Tile|1
CTATCTCCCCCTCCTAATGGAACATTGGAAGACACATATAGATATGTACAATCTCAGGCC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6953_L1_Tile|1
CTCCTAATGGAACATTGGAAGACACATATAGATATGTACAATCTCAGGCCATAACGTGTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7003_L1_Tile|1
ATAACGTGTCAAAAGCCTACACCTGATAAAGAAAAACAGGATCCGTATGCGGGTCTTAGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7133_L1_Tile|1
TATTACAAACAGGCGTTCAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7138_L1_Tile|1
CAAACAGGCGTTCAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7143_L1_Tile|1
AGGCGTTCAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7153_L1_Tile|1
TCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7163_L1_Tile|1
CTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACACGTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7168_L1_Tile|1
CGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACACGTAAAAAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7173_L1_Tile|1
AGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACACGTAAAAAAGCTAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7178_L1_Tile|1
GAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACAGTAAAAAAGCTAAAAGGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7183_L1_Tile|1
CGTGTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACAGTAAAAAAGCTAAAAGGAAATAA
>HPV14D_Beta_396918_nt5969_L1_Tile|1
ATTATTTAATAAGGTTGGTGATACAGAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTC
>HPV14D_Beta_396918_nt5974_L1_Tile|1
TTAATAAGGTTGGTGATACAGAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTG
>HPV14D_Beta_396918_nt5979_L1_Tile|1
AAGGTTGGTGATACAGAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGAC
>HPV14D_Beta_396918_nt5984_L1_Tile|1
TGGTGATACAGAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGACA
>HPV14D_Beta_396918_nt5989_L1_Tile|1
ATACAGAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGACAAAATG
>HPV14D_Beta_396918_nt5994_L1_Tile|1
GAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGACAAAATGTGTCA
>HPV14D_Beta_396918_nt5999_L1_Tile|1
TCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGACAAAATGTGTCAATTTGA
>HPV14D_Beta_396918_nt6649_L1_Tile|1
ACAACACACGTAACACAAATTTTAGTATATCAGTTAGTTTCAGAAAACACTGAGGTATCCA
>HPV14D_Beta_396918_nt6669_L1_Tile|1
TTTAGTATATCAGTTAGTTTCAGAAAACACTGAGGTATCCAAAATTGACAATTATACCTCT
>HPV14D_Beta_396918_nt7099_L1_Tile|1
GTACAAAAACAGTTTTCGACTAGGGGATCCATCAAGGGTATTAAACGAAAACGCAAGAATT
>HPV14D_Beta_396918_nt7101_L1_Tile|1
ACAAAAACAGTTTTCGACTAGGGGATCCATCAAGGGTATTAAACGAAAACGCAAGAATTAG
>HPV15_Beta_396924_nt6039_L1_Tile|1
ACCATTAGGAGTTGGTACTTCAGGCCATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAA
>HPV15_Beta_396924_nt6044_L1_Tile|1
TAGGAGTTGGTACTTCAGGCCATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAACA
>HPV15_Beta_396924_nt6049_L1_Tile|1
GTTGGTACTTCAGGCCATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAACAGTAAT
>HPV15_Beta_396924_nt6059_L1_Tile|1
CAGGCCATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAACAGTAATTATCAAGGCA
>HPV15_Beta_396924_nt6064_L1_Tile|1

CATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAACAGTAATTATCAAGGCAACTCT
>HPV15_Beta_396924_nt6069_L1_Tile|1
TTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAACAGTAATTATCAAGGCAACTCTACTGA
>HPV15_Beta_396924_nt6314_L1_Tile|1
TAGGTTTTTGGTAACATTAATAACAAGGCCTTATCAGTTACTAAGTCAGATGTGAGTCTGG
>HPV15_Beta_396924_nt6319_L1_Tile|1
TTTGGTAACATTAATAACAAGGCCTTATCAGTTACTAAGTCAGATGTGAGTCTGGATATA
>HPV15_Beta_396924_nt6324_L1_Tile|1
TAACATTAATAACAAGGCCTTATCAGTTACTAAGTCAGATGTGAGTCTGGATATAGTGAA
>HPV15_Beta_396924_nt6549_L1_Tile|1
TTTTTATTTACCAGCACAATCAACCCAACAACAAAATAAAGTTAGCAAATTCTACTTACTT
>HPV15_Beta_396924_nt6554_L1_Tile|1
ATTTACCAGCACAATCAACCCAACAACAAAATAAAGTTAGCAAATTCTACTTACTTTCCCA
>HPV15_Beta_396924_nt6699_L1_Tile|1
CATACTTTGGGGTAATCAGATGTTTATTACTGTTGCAGATAACACAAGGAATACAAATTT
>HPV15_Beta_396924_nt6709_L1_Tile|1
GGTAATCAGATGTTTATTACTGTTGCAGATAACACAAGGAATACAAATTTTACTATTAGT
>HPV15_Beta_396924_nt6734_L1_Tile|1
CAGATAACACAAGGAATACAAATTTTACTATTAGTGTTACCTCTGATGGTAATGCCATAA
>HPV15_Beta_396924_nt6744_L1_Tile|1
AAGGAATACAAATTTTACTATTAGTGTTACCTCTGATGGTAATGCCATAAATGAATATAA
>HPV15_Beta_396924_nt6759_L1_Tile|1
TACTATTAGTGTTACCTCTGATGGTAATGCCATAAATGAATATAATTCACAAAATATCAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6015_L1_Tile|1
GGATGACACAGAAAATGCTAGTGCTTATGCAGCAAATGCAGGTGTGGATAATAGAGAATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6020_L1_Tile|1
ACACAGAAAATGCTAGTGCTTATGCAGCAAATGCAGGTGTGGATAATAGAGAATGTATAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6025_L1_Tile|1
GAAAATGCTAGTGCTTATGCAGCAAATGCAGGTGTGGATAATAGAGAATGTATATCTATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6035_L1_Tile|1
GTGCTTATGCAGCAAATGCAGGTGTGGATAATAGAGAATGTATATCTATGGATTACAAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6120_L1_Tile|1
CAAACCACCTATAGGGGAACACTGGGGCAAAGGATCCCCATGTACCAATGTTGCAGTAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6125_L1_Tile|1
CACCTATAGGGGAACACTGGGGCAAAGGATCCCCATGTACCAATGTTGCAGTAAATCCAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6155_L1_Tile|1
CCCCATGTACCAATGTTGCAGTAAATCCAGGTGATTGTCCACCATTAGAGTTAATAAACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6160_L1_Tile|1
TGTACCAATGTTGCAGTAAATCCAGGTGATTGTCCACCATTAGAGTTAATAAACACAGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6420_L1_Tile|1
TAATAGGGCTGGTACTGTTGGTGAAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6425_L1_Tile|1
GGGCTGGTACTGTTGGTGAAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6440_L1_Tile|1
GTGAAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6445_L1_Tile|1
AATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6450_L1_Tile|1
ACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCAAATTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6455_L1_Tile|1
ACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCAAATTATTTTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6460_L1_Tile|1
TTATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCAAATTATTTTCCTACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6640_L1_Tile|1
GATACTACACGCAGTACAAATATGTCATTATGTGCTGCCATATCTACTTCAGAAACTACA

>HPV16_Alpha_9627100_nt6650_L1_Tile|1
GCAGTACAAATATGTCATTATGTGCTGCCATATCTACTTCAGAACTACATATAAAAAATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6655_L1_Tile|1
ACAAATATGTCATTATGTGCTGCCATATCTACTTCAGAACTACATATAAAAAATACTAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6820_L1_Tile|1
AATTCCACTATTTTGGAGGACTGGAATTTTGGTCTACAACCTCCCCCAGGAGGCACACTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6845_L1_Tile|1
ATTTTGGTCTACAACCTCCCCCAGGAGGCACACTAGAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6850_L1_Tile|1
GGTCTACAACCTCCCCCAGGAGGCACACTAGAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCCAGGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6860_L1_Tile|1
CTCCCCCAGGAGGCACACTAGAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCCAGGCAATTGCTTGTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6865_L1_Tile|1
CCAGGAGGCACACTAGAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCCAGGCAATTGCTTGTCAAAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6870_L1_Tile|1
AGGCACACTAGAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCCAGGCAATTGCTTGTCAAAAACATAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6880_L1_Tile|1
GAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCCAGGCAATTGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6890_L1_Tile|1
ATAGGTTTGTAAACCCAGGCAATTGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6900_L1_Tile|1
AACCCAGGCAATTGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6910_L1_Tile|1
ATTGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCTAAAAAATAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6915_L1_Tile|1
TTGTCAAAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCTAAAAAATACACTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6920_L1_Tile|1
AAAAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCTAAAAAATACACTTTTTTGGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6930_L1_Tile|1
ACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCTAAAAAATACACTTTTTTGGGAAGTAAATTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6935_L1_Tile|1
CAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCCTAAAAAATACACTTTTTTGGGAAGTAAATTTAAAGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7020_L1_Tile|1
GTTTCCTTTAGGACGCAAATTTTTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7025_L1_Tile|1
CTTTAGGACGCAAATTTTTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTACATTAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7030_L1_Tile|1
GGACGCAAATTTTTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7035_L1_Tile|1
CAAATTTTTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7040_L1_Tile|1
TTTTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7050_L1_Tile|1
AGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7055_L1_Tile|1
GATTGAAGGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7065_L1_Tile|1
CAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7070_L1_Tile|1
CAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAACCTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7075_L1_Tile|1
TTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAACCTGCTAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7085_L1_Tile|1
GAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAACCTGCTAAAACGCAAAAAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7095_L1_Tile|1

AGCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAACCTGCTAAACGCCAAAAACGTAAGCTGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7096_L1_Tile|1
GCTACACCCACCACCTCATCTACCTCTACAACCTGCTAAACGCCAAAAACGTAAGCTGTAA
>HPV17_Beta_396932_nt6085_L1_Tile|1
CATCCCTTGTTTAATAAGTTAAGAGACACTGAAAATAACAGTAGCTATCAAGGTGGATCT
>HPV17_Beta_396932_nt6205_L1_Tile|1
TGTGTACCTTGTATTGGAGAACATTGGGACAGGGCTCCTGTATGTGAAAATGAACAAAAC
>HPV17_Beta_396932_nt6210_L1_Tile|1
ACCTTGTATTGGAGAACATTGGGACAGGGCTCCTGTATGTGAAAATGAACAAAACAATCA
>HPV17_Beta_396932_nt6215_L1_Tile|1
GTATTGGAGAACATTGGGACAGGGCTCCTGTATGTGAAAATGAACAAAACAATCAAACAG
>HPV17_Beta_396932_nt6230_L1_Tile|1
GGGACAGGGCTCCTGTATGTGAAAATGAACAAAACAATCAAACAGGCCTGTGTCCACCAT
>HPV17_Beta_396932_nt6240_L1_Tile|1
TCCTGTATGTGAAAATGAACAAAACAATCAAACAGGCCTGTGTCCACCATTTGAATTAAA
>HPV17_Beta_396932_nt6245_L1_Tile|1
TATGTGAAAATGAACAAAACAATCAAACAGGCCTGTGTCCACCATTTGAATTAAAAACA
>HPV17_Beta_396932_nt6255_L1_Tile|1
TGAACAAAACAATCAAACAGGCCTGTGTCCACCATTTGAATTAAAAACACTGTTATCGA
>HPV17_Beta_396932_nt6565_L1_Tile|1
CACAAATTTTATTTACCAGCTCAAACCTGGCCAACAACAGCGCACTTTGGGTAATTCCACT
>HPV17_Beta_396932_nt6730_L1_Tile|1
GGGAATCAGATATTTGTGACTGTAGCTGACAACACTAGGAACACAAATTTTCTATTAGC
>HPV17_Beta_396932_nt6745_L1_Tile|1
GTGACTGTAGCTGACAACACTAGGAACACAAATTTTCTATTAGCGTGTCTACAGAAGCT
>HPV17_Beta_396932_nt6755_L1_Tile|1
CTGACAACACTAGGAACACAAATTTTCTATTAGCGTGTCTACAGAAGCTGGGGCTGTTA
>HPV17_Beta_396932_nt7100_L1_Tile|1
ATGTAAATCTTACTGAGAAATTATCATTAGATTTAGATCAGTATCCCCTAGGACGAAAAT
>HPV17_Beta_396932_nt7105_L1_Tile|1
AATCTTACTGAGAAATTATCATTAGATTTAGATCAGTATCCCCTAGGACGAAAATTTATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5436_L1_Tile|1
CCTGTATACACGGGTCCTGATATTACATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5441_L1_Tile|1
ATACACGGGTCCTGATATTACATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGTATCACC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5446_L1_Tile|1
CGGGTCCTGATATTACATTACCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGTATCACCACGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5466_L1_Tile|1
CCATCTACTACCTCTGTATGGCCCATTGTATCACCACGGCCCCCTGCCTCTACACAGTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5476_L1_Tile|1
CCTCTGTATGGCCCATTGTATCACCACGGCCCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5481_L1_Tile|1
GTATGGCCCATTGTATCACCACGGCCCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5486_L1_Tile|1
GCCCATTGTATCACCACGGCCCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGTACACA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5491_L1_Tile|1
TTGTATCACCACGGCCCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGTACACATTATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5496_L1_Tile|1
TCAACACGGCCCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGTACACATTATTATTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5506_L1_Tile|1
CCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGTACACATTATTATTTGTGGCCATTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5511_L1_Tile|1
GCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGTACACATTATTATTTGTGGCCATTATATTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5976_L1_Tile|1
ATTTTATAATAAATTAGATGACACTGAAAGTCCCATGCCGCCACGTCTAATGTTTCTGA

>HPV18_Alpha_9626069_nt5981_L1_Tile|1
ATAATAAATTAGATGACACTGAAAGTTCCCATGCCGCCACGTCTAATGTTTCTGAGGACG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5996_L1_Tile|1
ACACTGAAAGTTCCCATGCCGCCACGTCTAATGTTTCTGAGGACGTTAGGGACAATGTGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6131_L1_Tile|1
CTGCTTGTAATCGCGTCCTTTATCACAGGGCGATTGCCCCCCTTTAGAACTTAAAAACA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6136_L1_Tile|1
TGTAATCGCGTCCTTTATCACAGGGCGATTGCCCCCCTTTAGAACTTAAAAACACAGTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6146_L1_Tile|1
GTCCTTTATCACAGGGCGATTGCCCCCCTTTAGAACTTAAAAACACAGTTTGGGAAGATG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6421_L1_Tile|1
ACTGTGCCTCAATCCTTATATATTAAGGCACAGGTATGCCTGCTTCACCTGGCAGCTGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6426_L1_Tile|1
GCCTCAATCCTTATATATTAAGGCACAGGTATGCCTGCTTCACCTGGCAGCTGTGTGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6441_L1_Tile|1
TATTAAAGGCACAGGTATGCCTGCTTCACCTGGCAGCTGTGTGTATTCTCCCTCTCCAAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6621_L1_Tile|1
CACTCCCAGTACCAATTTAACAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6626_L1_Tile|1
CCAGTACCAATTTAACAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6631_L1_Tile|1
ACCAATTTAACAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACC
>HPV18_Alpha_9626069_nt6636_L1_Tile|1
TTTAACAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACCAAATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6641_L1_Tile|1
CAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACCAAATTTAAGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt6651_L1_Tile|1
TTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACCAAATTTAAGCAGTATAGCAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6791_L1_Tile|1
ATAGTATGAATAGCAGTATTTTAGAGGATTGGAACCTTGGTGTCCCCCCCCCCCCAACTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt7078_L1_Tile|1
CCATCTGCCACTACGTCTTCTAAACCTGCCAAGCGTGTGCGTGACGTGCCAGGAAGTAA
>HPV19_Beta_396940_nt5795_L1_Tile|1
TACTTACATCCCAGCCTTCGCAAGCGATTCAAACGAAAACGTAAATATTTATAATTTTCT
>HPV19_Beta_396940_nt5800_L1_Tile|1
ACATCCCAGCCTTCGCAAGCGATTCAAACGAAAACGTAAATATTTATAATTTTCTTTTGC
>HPV19_Beta_396940_nt6005_L1_Tile|1
CCCATATTTTAATGTTTATAATGTTGCAGGATCAAAATTAGAAATTCCAAAAGTTTCAGG
>HPV19_Beta_396940_nt6010_L1_Tile|1
ATTTTAATGTTTATAATGTTGCAGGATCAAAATTAGAAATTCCAAAAGTTTCAGGAAATC
>HPV19_Beta_396940_nt6360_L1_Tile|1
GAACACTGGGATAAAGCATTACCATGTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCCT
>HPV19_Beta_396940_nt6370_L1_Tile|1
ATAAAGCATTACCATGTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCTCCTATAGAGT
>HPV19_Beta_396940_nt6375_L1_Tile|1
GCATTACCATGTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCTCCTATAGAGTTAATT
>HPV19_Beta_396940_nt6380_L1_Tile|1
ACCATGTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCTCCTATAGAGTTAATTAAGTCA
>HPV19_Beta_396940_nt6385_L1_Tile|1
GTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCTCCTATAGAGTTAATTAAGTCAAGTCA
>HPV19_Beta_396940_nt6400_L1_Tile|1
TTCCTCAGGGATCCTGTCTCCTATAGAGTTAATTAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCA
>HPV19_Beta_396940_nt6710_L1_Tile|1
TACATACTACATACCTCCTAACAATAGTCAGCAACAATATACTAATTTAGGAAATGCCAT
>HPV19_Beta_396940_nt7125_L1_Tile|1

GGTTTCGTGCCTGCACCCGATAATCCTATTTCAGGACACTTATAGATATATAGATTCTTTA
>HPV19_Beta_396940_nt7160_L1_Tile|1
CACTTATAGATATATAGATTCTTTAGCTACTAGATGCCCTGACAAAAATCCTCCTAAGGA
>HPV19_Beta_396940_nt7355_L1_Tile|1
TACAAAACTATATCTTCACGGGTCTCCAGCAGAGGAAGTAAAAGAAAGCGTAAAAATTA
>HPV19_Beta_396940_nt7356_L1_Tile|1
ACAAAACTATATCTTCACGGGTCTCCAGCAGAGGAAGTAAAAGAAAGCGTAAAAATTAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6039_L1_Tile|1
CATATTTTAAATATATATGACATCCAAGGCACTAAGATAAAAGTCCCTAAGGTTTCTGGAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6044_L1_Tile|1
TTTAATATATATGACATCCAAGGCACTAAGATAAAAGTCCCTAAGGTTTCTGGAAATCAG
>HPV20_Beta_1020162_nt6049_L1_Tile|1
TATATATGACATCCAAGGCACTAAGATAAAAGTCCCTAAGGTTTCTGGAAATCAGCACAG
>HPV20_Beta_1020162_nt6259_L1_Tile|1
ATTATTTAATAAACTTGGTGACACAGAAAACCCCTAATTCATATAAAGGGAATTCAACTGA
>HPV20_Beta_1020162_nt6264_L1_Tile|1
TTAATAAACTTGGTGACACAGAAAACCCCTAATTCATATAAAGGGAATTCAACTGATGATA
>HPV20_Beta_1020162_nt6269_L1_Tile|1
AAACTTGGTGACACAGAAAACCCCTAATTCATATAAAGGGAATTCAACTGATGATAGACAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6274_L1_Tile|1
TGGTGACACAGAAAACCCCTAATTCATATAAAGGGAATTCAACTGATGATAGACAAAATGT
>HPV20_Beta_1020162_nt6399_L1_Tile|1
GGGACAGGGCTTTACCATGTGCAGACGCGTTCCAAACCCAGGTTTCATGCCCTCCAATAG
>HPV20_Beta_1020162_nt6739_L1_Tile|1
GAATGCATTCTACATTCCACCTGTGAATAATCAGGCACAGAACAACCTAGGTAATTCAAT
>HPV20_Beta_1020162_nt6744_L1_Tile|1
CATTCTACATTCCACCTGTGAATAATCAGGCACAGAACAACCTAGGTAATTCAATGTATT
>HPV20_Beta_1020162_nt6894_L1_Tile|1
GCATCTGCTGGTTCAATCAACTATTTGTTACTGTAGTAGATAATACTCGAAATACAAATT
>HPV20_Beta_1020162_nt6904_L1_Tile|1
GTTCAATCAACTATTTGTTACTGTAGTAGATAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATATC
>HPV20_Beta_1020162_nt6914_L1_Tile|1
CTATTTGTTACTGTAGTAGATAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTCA
>HPV20_Beta_1020162_nt6919_L1_Tile|1
TGTTACTGTAGTAGATAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6924_L1_Tile|1
CTGTAGTAGATAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTG
>HPV20_Beta_1020162_nt6929_L1_Tile|1
GTAGATAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTGATGTT
>HPV20_Beta_1020162_nt6934_L1_Tile|1
TAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTGATGTTTCTAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6949_L1_Tile|1
AAATTTTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTGATGTTTCTAAAATTCAAAATTATGA
>HPV20_Beta_1020162_nt6954_L1_Tile|1
TTAGCATATCAGTTCATTTCAGAAAACACTGATGTTTCTAAAATTCAAAATTATGATTCTC
>HPV20_Beta_1020162_nt7249_L1_Tile|1
AAGAGAAGATCCTTACAAGGATCTAACTTTTGAATGTTGACCTATCAGAAAGATTATC
>HPV20_Beta_1020162_nt7254_L1_Tile|1
AAGATCCTTACAAGGATCTAACTTTTGAATGTTGACCTATCAGAAAGATTATCCTTAG
>HPV20_Beta_1020162_nt7259_L1_Tile|1
CCTTACAAGGATCTAACTTTTGAATGTTGACCTATCAGAAAGATTATCCTTAGAATTG
>HPV20_Beta_1020162_nt7384_L1_Tile|1
TACAAAACTGTATCTTCAAAGTTATCTACTAGGGGCGTCAAACGAAAACGCAAACAATA
>HPV20_Beta_1020162_nt7385_L1_Tile|1
ACAAAACTGTATCTTCAAAGTTATCTACTAGGGGCGTCAAACGAAAACGCAAACAATA

>HPV21_Beta_1020170_nt6300_L1_Tile|1
TTAATAAAGTTGGGGACACAGAAAATCCTAGTTCATACAAAACCTCAACCAAATTCCTACTG
>HPV21_Beta_1020170_nt6305_L1_Tile|1
AAAGTTGGGGACACAGAAAATCCTAGTTCATACAAAACCTCAACCAAATTCCTACTGATGAT
>HPV21_Beta_1020170_nt6430_L1_Tile|1
AGGAGAACATTGGGATAAAGCTATCCCATGTGCAACTGACAATCCACCTCCAGGATCGTG
>HPV21_Beta_1020170_nt6445_L1_Tile|1
TAAAGCTATCCCATGTGCAACTGACAATCCACCTCCAGGATCGTGCCCTCCGATTGAATT
>HPV21_Beta_1020170_nt6450_L1_Tile|1
CTATCCCATGTGCAACTGACAATCCACCTCCAGGATCGTGCCCTCCGATTGAATTAATTA
>HPV21_Beta_1020170_nt6455_L1_Tile|1
CCATGTGCAACTGACAATCCACCTCCAGGATCGTGCCCTCCGATTGAATTAATTAATTCA
>HPV21_Beta_1020170_nt6460_L1_Tile|1
TGCAACTGACAATCCACCTCCAGGATCGTGCCCTCCGATTGAATTAATTAATTCAGCAAT
>HPV21_Beta_1020170_nt6970_L1_Tile|1
AGTAGACAACACTCGTAACACAAACTTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGT
>HPV21_Beta_1020170_nt6980_L1_Tile|1
ACTCGTAACACAAACTTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATT
>HPV21_Beta_1020170_nt6985_L1_Tile|1
TAACACAAACTTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAA
>HPV21_Beta_1020170_nt6990_L1_Tile|1
CAAACCTTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAAATTATA
>HPV21_Beta_1020170_nt6995_L1_Tile|1
TTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAAATTATAAAGCC
>HPV21_Beta_1020170_nt7000_L1_Tile|1
TATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAAATTATAAAGCCGAGAG
>HPV21_Beta_1020170_nt7005_L1_Tile|1
CAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAAATTATAAAGCCGAGAGCTTTC
>HPV21_Beta_1020170_nt7425_L1_Tile|1
GTACAAAGACACTTTCTTCAAGGGTATCTACCAGAGGAATTAAACGAAAACGCAAAAATT
>HPV21_Beta_1020170_nt7427_L1_Tile|1
ACAAAGACACTTTCTTCAAGGGTATCTACCAGAGGAATTAAACGAAAACGCAAAAATTAG
>HPV22_Beta_1020178_nt5883_L1_Tile|1
TTAGAGTAACATTTCCAGATCCTAACAAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGATC
>HPV22_Beta_1020178_nt5893_L1_Tile|1
ATTTCCAGATCCTAACAAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt5898_L1_Tile|1
CAGATCCTAACAAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGAT
>HPV22_Beta_1020178_nt5903_L1_Tile|1
CCTAACAAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt5908_L1_Tile|1
CAAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTATGGGC
>HPV22_Beta_1020178_nt5913_L1_Tile|1
TTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTATGGGCTTGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt5918_L1_Tile|1
TTGGGAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTATGGGCTTGTAAGGG
>HPV22_Beta_1020178_nt5923_L1_Tile|1
AGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTATGGGCTTGTAAGGGTTAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt5928_L1_Tile|1
TGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTATGGGCTTGTAAGGGTTAGAAATAG
>HPV22_Beta_1020178_nt5933_L1_Tile|1
ATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTATGGGCTTGTAAGGGTTAGAAATAGGAAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt6028_L1_Tile|1
ATTATTTAATAAATTACATGATACTGAAAACCTACTGAACGCCAGGAAGGAACATCAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt6033_L1_Tile|1

TTAATAAATTACATGATACTGAAAACCCCTACTGAACGCCAGGAAGGAACATCAGATGATA
>HPV22_Beta_1020178_nt6038_L1_Tile|1
AAATTACATGATACTGAAAACCCCTACTGAACGCCAGGAAGGAACATCAGATGATAGAAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt6043_L1_Tile|1
ACATGATACTGAAAACCCCTACTGAACGCCAGGAAGGAACATCAGATGATAGAAGAAATGT
>HPV22_Beta_1020178_nt6288_L1_Tile|1
ATAATAAAACACTATCATTTAATAGATCTGATGTAAGCTTAGACATTGTAAATGAAATCT
>HPV22_Beta_1020178_nt6358_L1_Tile|1
TGATTTTCTTACAATGTCAAATGATGTCTATGGCGACTCATGCTTTTTTTGTGCACGTAG
>HPV22_Beta_1020178_nt6363_L1_Tile|1
TTCTTACAATGTCAAATGATGTCTATGGCGACTCATGCTTTTTTTGTGCACGTAGGGAGC
>HPV22_Beta_1020178_nt6428_L1_Tile|1
TATGCACGACACAATTTTGTACGTGGTGGTCTTGTGGTGATGCTATACCAGATGATGCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6433_L1_Tile|1
ACGACACAATTTTGTACGTGGTGGTCTTGTGGTGATGCTATACCAGATGATGCAGTTCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6443_L1_Tile|1
TTTGTACGTGGTGGTCTTGTGGTGATGCTATACCAGATGATGCAGTTCAACAAGATCAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6453_L1_Tile|1
GTGGTCTTGTGGTGATGCTATACCAGATGATGCAGTTCAACAAGATCATAAATATTACT
>HPV22_Beta_1020178_nt6458_L1_Tile|1
CTTGTGGTGATGCTATACCAGATGATGCAGTTCAACAAGATCATAAATATTACTTGCCT
>HPV22_Beta_1020178_nt6473_L1_Tile|1
ATACCAGATGATGCAGTTCAACAAGATCATAAATATTACTTGCCTGCAGCTTCACAGACT
>HPV22_Beta_1020178_nt6498_L1_Tile|1
ATCATAAATATTACTTGCCTGCAGCTTCACAGACTGCTTTAGAAAACCTCCACTTACTTTC
>HPV22_Beta_1020178_nt6503_L1_Tile|1
AAATATTACTTGCCTGCAGCTTCACAGACTGCTTTAGAAAACCTCCACTTACTTTCCAACC
>HPV22_Beta_1020178_nt6508_L1_Tile|1
TTACTTGCCTGCAGCTTCACAGACTGCTTTAGAAAACCTCCACTTACTTTCCAACCGTTAG
>HPV22_Beta_1020178_nt6513_L1_Tile|1
TGCCTGCAGCTTCACAGACTGCTTTAGAAAACCTCCACTTACTTTCCAACCGTTAGTGGTT
>HPV22_Beta_1020178_nt6518_L1_Tile|1
GCAGCTTCACAGACTGCTTTAGAAAACCTCCACTTACTTTCCAACCGTTAGTGGTTCTTTA
>HPV22_Beta_1020178_nt6573_L1_Tile|1
CTTTAGTAACCTCTGATGCCCACTATTCAACAGGCCTTTTTTGGTTGAAGCGCGCGCAGG
>HPV22_Beta_1020178_nt6683_L1_Tile|1
GATAATACCCGTAACACTAATTTTTCTATTAGTGTGGCAAGTGACGGCACCACAGTTAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6688_L1_Tile|1
TACCCGTAACACTAATTTTTCTATTAGTGTGGCAAGTGACGGCACCACAGTTAATTATGA
>HPV22_Beta_1020178_nt6693_L1_Tile|1
GTAACACTAATTTTTCTATTAGTGTGGCAAGTGACGGCACCACAGTTAATTATGATGCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt6698_L1_Tile|1
ACTAATTTTTCTATTAGTGTGGCAAGTGACGGCACCACAGTTAATTATGATGCTAAAAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6703_L1_Tile|1
TTTTTCTATTAGTGTGGCAAGTGACGGCACCACAGTTAATTATGATGCTAAAAAAATCAG
>HPV22_Beta_1020178_nt6708_L1_Tile|1
CTATTAGTGTGGCAAGTGACGGCACCACAGTTAATTATGATGCTAAAAAAATCAGAGAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6718_L1_Tile|1
GGCAAGTGACGGCACCACAGTTAATTATGATGCTAAAAAAATCAGAGAATTTATGCGCCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6738_L1_Tile|1
TTAATTATGATGCTAAAAAAATCAGAGAATTTATGCGCCATGTGGAAGAATACCAATTAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6763_L1_Tile|1
AGAATTTATGCGCCATGTGGAAGAATACCAATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6768_L1_Tile|1
TTATGCGCCATGTGGAAGAATACCAATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAATACCAT

>HPV22_Beta_1020178_nt6773_L1_Tile|1
CGCCATGTGGAAGAATACCAATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAATACCATTAGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6783_L1_Tile|1
AAGAATACCAATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAATACCATTAGAAGCAGAGGTAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6788_L1_Tile|1
TACCAATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAATACCATTAGAAGCAGAGGTATTAAC
>HPV22_Beta_1020178_nt6793_L1_Tile|1
ATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAATACCATTAGAAGCAGAGGTATTAACCAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6808_L1_Tile|1
GCAGCTATGTAGAATACCATTAGAAGCAGAGGTATTAACCAAAATTAATGCCATGAATCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6813_L1_Tile|1
TATGTAGAATACCATTAGAAGCAGAGGTATTAACCAAAATTAATGCCATGAATCATGGCA
>HPV22_Beta_1020178_nt7063_L1_Tile|1
GTATCCACTGGGTCGTAAATTTTATTTCAATCTGGGTACAAACGTGCAAGGGCCAGTGC
>HPV22_Beta_1020178_nt7083_L1_Tile|1
TTTTATTTCAATCTGGGTACAAACGTGCAAGGGCCAGTGCCAGGGTCAGTGTGAAACGTT
>HPV22_Beta_1020178_nt7088_L1_Tile|1
TTTCAATCTGGGTACAAACGTGCAAGGGCCAGTGCCAGGGTCAGTGTGAAACGTTCTGCT
>HPV22_Beta_1020178_nt7098_L1_Tile|1
GGTTACAACGTGCAAGGGCCAGTGCCAGGGTCAGTGTGAAACGTTCTGCTACGCGGAAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt7128_L1_Tile|1
TCAGTGTGAAACGTTCTGCTACGCGGAAAAACGTTCTAAAACTGTAAACGAAGGAACTTA
>HPV23_Beta_1020186_nt5816_L1_Tile|1
TGTTAGATCACCGGATGGTAGTAAATAGATGTACCAAAGGTTTCAGGGAATCAATTCAG
>HPV23_Beta_1020186_nt5896_L1_Tile|1
CAGACCTAATAAGTTTGCATTAGCAGACATGACTATCTATGATCCTGATAAATACAGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt5971_L1_Tile|1
CAGGACTTGAAATCGGCCGCGGCCAACCTTTAGGGGTCGGCAGTACAGGACACCCGCTAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6001_L1_Tile|1
TAGGGGTCGGCAGTACAGGACACCCGCTATTTAATAAGCTCCGTGATGCAGAAAATTCTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6006_L1_Tile|1
GTCGGCAGTACAGGACACCCGCTATTTAATAAGCTCCGTGATGCAGAAAATTCTAGTGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6026_L1_Tile|1
GCTATTTAATAAGCTCCGTGATGCAGAAAATTCTAGTGAACGTCAGGAAGGTACTGTAGA
>HPV23_Beta_1020186_nt6031_L1_Tile|1
TTAATAAGCTCCGTGATGCAGAAAATTCTAGTGAACGTCAGGAAGGTACTGTAGATGACA
>HPV23_Beta_1020186_nt6041_L1_Tile|1
CCGTGATGCAGAAAATTCTAGTGAACGTCAGGAAGGTACTGTAGATGACAGAAGAAATAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6046_L1_Tile|1
ATGCAGAAAATTCTAGTGAACGTCAGGAAGGTACTGTAGATGACAGAAGAAATATCTCAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6051_L1_Tile|1
GAAAATTCTAGTGAACGTCAGGAAGGTACTGTAGATGACAGAAGAAATATCTCATTTGAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6166_L1_Tile|1
GGGATACAGCTCCTGTCTGTAAAGATGCAGGTAGCCAACTAGGGTTGTGTCCTCCTTTAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6181_L1_Tile|1
TCTGTAAAGATGCAGGTAGCCAACTAGGGTTGTGTCCTCCTTTAGAAATAAAAACAGTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6236_L1_Tile|1
CAGTGTATAGAAGATGGGGACATGTTTCGACATTGGCTTTGGTAATATCAATAATAAAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6246_L1_Tile|1
GAAGATGGGGACATGTTTCGACATTGGCTTTGGTAATATCAATAATAAAACATTATCCTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt6256_L1_Tile|1
ACATGTTTCGACATTGGCTTTGGTAATATCAATAATAAAACATTATCCTTTAATAGATCAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6286_L1_Tile|1
ATAATAAAACATTATCCTTTAATAGATCAGATGTTAGTTTAGATCTTGTAATGAGGTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt6476_L1_Tile|1

TGATGGTGCAGTTCAACAGGATCACAAATATTATTTACCTGCAGACCAACAAAACACTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt6491_L1_Tile|1
ACAGGATCACAAATATTATTTACCTGCAGACCAACAAAACACTTTAGAAAACACTCTTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6501_L1_Tile|1
AAATATTATTTACCTGCAGACCAACAAAACACTTTAGAAAACACTCTTTATTTTCCTACT
>HPV23_Beta_1020186_nt6506_L1_Tile|1
TTATTTACCTGCAGACCAACAAAACACTTTAGAAAACACTCTTTATTTTCCTACTGTCAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6516_L1_Tile|1
GCAGACCAACAAAACACTTTAGAAAACACTCTTTATTTTCCTACTGTCAGTGGATCTTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6521_L1_Tile|1
CCAACAAAACACTTTAGAAAACACTCTTTATTTTCCTACTGTCAGTGGATCTTTGGTAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6526_L1_Tile|1
AAAACACTTTAGAAAACACTCTTTATTTTCCTACTGTCAGTGGATCTTTGGTAACCTCTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6646_L1_Tile|1
TTTTATGGAACAACCAGATGTTTGTGACTGTAGCAGATAATACACGTAATACAACTTTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6651_L1_Tile|1
TGGAACAACCAGATGTTTGTGACTGTAGCAGATAATACACGTAATACAACTTTAGTATC
>HPV23_Beta_1020186_nt6666_L1_Tile|1
TTTGTGACTGTAGCAGATAATACACGTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6671_L1_Tile|1
GACTGTAGCAGATAATACACGTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6676_L1_Tile|1
TAGCAGATAATACACGTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6681_L1_Tile|1
GATAATACACGTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6686_L1_Tile|1
TACACGTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGA
>HPV23_Beta_1020186_nt6691_L1_Tile|1
GTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCA
>HPV23_Beta_1020186_nt6696_L1_Tile|1
ACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6701_L1_Tile|1
CTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6706_L1_Tile|1
GTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAGAGAGT
>HPV23_Beta_1020186_nt6711_L1_Tile|1
AGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAGAGAGTTTACA
>HPV23_Beta_1020186_nt6716_L1_Tile|1
TACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAGAGAGTTTACAAGACA
>HPV23_Beta_1020186_nt6721_L1_Tile|1
ATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAGAGAGTTTACAAGACATGTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6741_L1_Tile|1
TATGATGCCACTAAAATTAGAGAGTTTACAAGACATGTTGAAGAATACCAACTTTCTTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt6761_L1_Tile|1
AGAGTTTACAAGACATGTTGAAGAATACCAACTTTCTTTTATACTACAGTTGTGCAGGAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6781_L1_Tile|1
AAGAATACCAACTTTCTTTTATACTACAGTTGTGCAGGATACCTTTAAAGGCCGAGGTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt6786_L1_Tile|1
TACCAACTTTCTTTTATACTACAGTTGTGCAGGATACCTTTAAAGGCCGAGGTCTTAACA
>HPV23_Beta_1020186_nt6791_L1_Tile|1
ACTTTCTTTTATACTACAGTTGTGCAGGATACCTTTAAAGGCCGAGGTCTTAACACAAAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6796_L1_Tile|1
CTTTTATACTACAGTTGTGCAGGATACCTTTAAAGGCCGAGGTCTTAACACAAATTAATG
>HPV23_Beta_1020186_nt6801_L1_Tile|1
ATACTACAGTTGTGCAGGATACCTTTAAAGGCCGAGGTCTTAACACAAATTAATGCCATG

>HPV23_Beta_1020186_nt6896_L1_Tile|1
TGTTCCCTACACCAGATAATGCAGTTCATGACACATACAGATATTTGGCTTCAAAGGCCAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6926_L1_Tile|1
CACATACAGATATTTGGCTTCAAAGGCCACAAAATGTCCAGATGCAGTACCTGACACGCA
>HPV23_Beta_1020186_nt6936_L1_Tile|1
TATTTGGCTTCAAAGGCCACAAAATGTCCAGATGCAGTACCTGACACGCAAAAAGAGGAT
>HPV23_Beta_1020186_nt7021_L1_Tile|1
ATGTTGATATGACAGAAAAATTGTCTCTAGACCTAGATCAATATCCCTTAGGCCGTAAGT
>HPV23_Beta_1020186_nt7026_L1_Tile|1
GATATGACAGAAAAATTGTCTCTAGACCTAGATCAATATCCCTTAGGCCGTAAGTTTCTG
>HPV23_Beta_1020186_nt7041_L1_Tile|1
TTGTCTCTAGACCTAGATCAATATCCCTTAGGCCGTAAGTTTCTGTTTCAAATTGGAGTG
>HPV23_Beta_1020186_nt7051_L1_Tile|1
ACCTAGATCAATATCCCTTAGGCCGTAAGTTTCTGTTTCAAATTGGAGTGCAGCGTGTAC
>HPV23_Beta_1020186_nt7061_L1_Tile|1
ATATCCCTTAGGCCGTAAGTTTCTGTTTCAAATTGGAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTAC
>HPV23_Beta_1020186_nt7066_L1_Tile|1
CCTTAGGCCGTAAGTTTCTGTTTCAAATTGGAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTACCAAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt7086_L1_Tile|1
TTTCAAATTGGAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAACTCGAAAAGTG
>HPV23_Beta_1020186_nt7096_L1_Tile|1
GAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAACTCGAAAAGTGACCAAAACTG
>HPV23_Beta_1020186_nt7106_L1_Tile|1
TGTACGGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAACTCGAAAAGTGACCAAAACTGTCAAAAGGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt7111_L1_Tile|1
GGTCCGGTACCAAACGGCCTGCAACTCGAAAAGTGACCAAAACTGTCAAAAGGAAAAAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt7116_L1_Tile|1
GGTACCAAACGGCCTGCAACTCGAAAAGTGACCAAAACTGTCAAAAGGAAAAAAGTGCAA
>HPV23_Beta_1020186_nt7122_L1_Tile|2
AAACGGCCTGCAACTCGAAAAGTGACCAAAACTGTCAAAAGGAAAAAAGTGCAATTGTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6079_L1_Tile|1
ATTATTTAACAAAGTGAATGACACAGAAAACCCTGTATCATATAGGACACAAGCATCGTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6089_L1_Tile|1
AAAGTGAATGACACAGAAAACCCTGTATCATATAGGACACAAGCATCGTCCACAGATGAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6094_L1_Tile|1
GAATGACACAGAAAACCCTGTATCATATAGGACACAAGCATCGTCCACAGATGATAGACA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6104_L1_Tile|1
GAAAACCCTGTATCATATAGGACACAAGCATCGTCCACAGATGATAGACAAAATACCTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6204_L1_Tile|1
CACCTGCATAGGAGAACATTGGGAAGTAGCTGAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6209_L1_Tile|1
TGCATAGGAGAACATTGGGAAGTAGCTGAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6214_L1_Tile|1
AGGAGAACATTGGGAAGTAGCTGAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6234_L1_Tile|1
CTGAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6244_L1_Tile|1
TGCTGGTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTCAGTAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6249_L1_Tile|1
GTGATAATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTCAGTAATTCAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6254_L1_Tile|1
AATAATGATGCTGGTAGATGTCCACCTATTAAGTTAGTAAATTCAGTAATTCAGATGGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6324_L1_Tile|1
ATATTGGTTATGGGAATTTAAATTTTAGAACACTACAACAAAGTAGATCAGACGTAAGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6329_L1_Tile|1

GGTTATGGGAATTTAAATTTTAGAACACTACAACAAAGTAGATCAGACGTAAGTTTGGAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6334_L1_Tile|1
TGGGAATTTAAATTTTAGAACACTACAACAAAGTAGATCAGACGTAAGTTTGGATATTGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6339_L1_Tile|1
ATTTAAATTTTAGAACACTACAACAAAGTAGATCAGACGTAAGTTTGGATATTGTAAATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6344_L1_Tile|1
AATTTTAGAACACTACAACAAAGTAGATCAGACGTAAGTTTGGATATTGTAAATGAAACC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6514_L1_Tile|1
TAAACCAGGGGATGACATACCTGGTGAGCAAATTGATGCAGGGACCTACAAAATGACTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6739_L1_Tile|1
ATTGTTTCATTACGGTAGTAGATAACACCAGGAACACCAATTTTAGTATAAGTGTATACAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6774_L1_Tile|1
CCAATTTTAGTATAAGTGTATACACTGAAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6779_L1_Tile|1
TTTAGTATAAGTGTATACACTGAAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6784_L1_Tile|1
TATAAGTGTATACACTGAAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6794_L1_Tile|1
TACACTGAAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAAATTTAGGGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6799_L1_Tile|1
TGAAAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAAATTTAGGGAATATCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6804_L1_Tile|1
ATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAAATTTAGGGAATATCAGAGAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6809_L1_Tile|1
AAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAAATTTAGGGAATATCAGAGACATGTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6839_L1_Tile|1
AATAAATTTAGGGAATATCAGAGACATGTAGAAGAGTATGAAATTTCACTTATACTGCAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6844_L1_Tile|1
ATTTAGGGAATATCAGAGACATGTAGAAGAGTATGAAATTTCACTTATACTGCAGCTATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6854_L1_Tile|1
TATCAGAGACATGTAGAAGAGTATGAAATTTCACTTATACTGCAGCTATGTAAAATCCCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6864_L1_Tile|1
ATGTAGAAGAGTATGAAATTTCACTTATACTGCAGCTATGTAAAATCCCTTTAAAAGCAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6869_L1_Tile|1
GAAGAGTATGAAATTTCACTTATACTGCAGCTATGTAAAATCCCTTTAAAAGCAGATGTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6884_L1_Tile|1
TCACTTATACTGCAGCTATGTAAAATCCCTTTAAAAGCAGATGTGTTAGCACAGATCAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6904_L1_Tile|1
TAAAATCCCTTTAAAAGCAGATGTGTTAGCACAGATCAATGCTATGAATCCATCTCTATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6989_L1_Tile|1
CCTGCACCAGACAATCCTCTTCAAAGTACCTACAGATATATAGAAAGTTTGGCAACACCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6994_L1_Tile|1
ACCAGACAATCCTCTTCAAAGTACCTACAGATATATAGAAAGTTTGGCAACACCTTGTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7119_L1_Tile|1
TATCTGAACGCTTATCTTTGGAAGTGGATCAATATTCCTTAGGACGAAAGTTCCTGTTTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7149_L1_Tile|1
AATATTCTCTTAGGACGAAAGTTCCTGTTTCAAGCGGGTCTTGTACAAAAAACATCTAAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7154_L1_Tile|1
TCCTTAGGACGAAAGTTCCTGTTTCAAGCGGGTCTTGTACAAAAAACATCTAAAAAACAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7159_L1_Tile|1
AGGACGAAAGTTCCTGTTTCAAGCGGGTCTTGTACAAAAAACATCTAAAAAACATCTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7164_L1_Tile|1
GAAAGTTCCTGTTTCAAGCGGGTCTTGTACAAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGTAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7169_L1_Tile|1
TTCCTGTTTCAAGCGGGTCTTGTACAAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGTATCCAAG

>HPV24_Unclassified_9628486_nt7174_L1_Tile|1
GTTTCAAGCGGGTCTTGTACAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGTATCCAAGGGGAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7179_L1_Tile|1
AAGCGGGTCTTGTACAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGTATCCAAGGGGACCAAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7184_L1_Tile|1
GGTCTTGTACAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGTATCCAAGGGGACCAAACGAAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7193_L1_Tile|1
CAAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGTATCCAAGGGGACCAAACGAAAAACGCACGTAA
>HPV25_Beta_396948_nt6030_L1_Tile|1
TCACCCATATTTTAATGTGTACAACGTCCAAGGCTCTAAATTGCAAATTCCAAAGTGTC
>HPV25_Beta_396948_nt6035_L1_Tile|1
CATATTTTAATGTGTACAACGTCCAAGGCTCTAAATTGCAAATTCCAAAGTGTCAGGAA
>HPV25_Beta_396948_nt6040_L1_Tile|1
TTTAATGTGTACAACGTCCAAGGCTCTAAATTGCAAATTCCAAAGTGTCAGGAAATCAA
>HPV25_Beta_396948_nt6245_L1_Tile|1
TGGGTCACCCATTGTTTAACAAGGTTGGCGACACAGAAAATCCAAATCTTATAAAGCTA
>HPV25_Beta_396948_nt6250_L1_Tile|1
CACCCATTGTTTAACAAGGTTGGCGACACAGAAAATCCAAATCTTATAAAGCTAGTTCT
>HPV25_Beta_396948_nt6255_L1_Tile|1
ATTGTTTAACAAGGTTGGCGACACAGAAAATCCAAATCTTATAAAGCTAGTTCTACAGA
>HPV25_Beta_396948_nt6275_L1_Tile|1
ACACAGAAAATCCAAATCTTATAAAGCTAGTTCTACAGATGACAGGCAAAATGTATCAT
>HPV25_Beta_396948_nt6280_L1_Tile|1
GAAAATCCAAATCTTATAAAGCTAGTTCTACAGATGACAGGCAAAATGTATCATTTGAC
>HPV25_Beta_396948_nt6415_L1_Tile|1
GATGATGGCAATATTCAACAAGGGTCATGCCCTCCAATAGAATTAATTAATCTGTGCATT
>HPV25_Beta_396948_nt6735_L1_Tile|1
AAATGCATTTTACATACCACCTAACAGTAGTCAGGCTCAATATAATAATCTAGGTAACCTC
>HPV25_Beta_396948_nt6740_L1_Tile|1
CATTTTACATACCACCTAACAGTAGTCAGGCTCAATATAATAATCTAGGTAACCTCAATGT
>HPV25_Beta_396948_nt6975_L1_Tile|1
TGGAACAGATGTTTCCAAAATCACTGATTATAATTCTCAAAAATTTACAGAATATTTGAG
>HPV25_Beta_396948_nt6980_L1_Tile|1
CAGATGTTTCCAAAATCACTGATTATAATTCTCAAAAATTTACAGAATATTTGAGACATG
>HPV25_Beta_396948_nt7030_L1_Tile|1
TTGAGACATGTAGAAGAATATGAGTTATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTG
>HPV25_Beta_396948_nt7035_L1_Tile|1
ACATGTAGAAGAATATGAGTTATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGC
>HPV25_Beta_396948_nt7040_L1_Tile|1
TAGAAGAATATGAGTTATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAA
>HPV25_Beta_396948_nt7045_L1_Tile|1
GAATATGAGTTATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTG
>HPV25_Beta_396948_nt7050_L1_Tile|1
TGAGTTATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCTCA
>HPV25_Beta_396948_nt7065_L1_Tile|1
ATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCTCAGATTAATGCAATGAA
>HPV25_Beta_396948_nt7070_L1_Tile|1
AACTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCTCAGATTAATGCAATGAATTCCA
>HPV25_Beta_396948_nt7075_L1_Tile|1
TGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCTCAGATTAATGCAATGAATTCCAACATT
>HPV25_Beta_396948_nt7080_L1_Tile|1
AGTACCGTTGAAGGCAGAAATATTGGCTCAGATTAATGCAATGAATTCCAACATTTTGA
>HPV25_Beta_396948_nt7165_L1_Tile|1
GCACCGGACAATTCTATTACAGGATACTTATCGCTACATTGATTCTTTAGCCACACGTTGT
>HPV25_Beta_396948_nt7170_L1_Tile|1

GGACAATTCTATTCAGGATACTTATCGCTACATTGATTCTTTAGCCACACGTTGTCCAGA
>HPV25_Beta_396948_nt7175_L1_Tile|1
ATTCTATTCAGGATACTTATCGCTACATTGATTCTTTAGCCACACGTTGTCCAGATAAAA
>HPV25_Beta_396948_nt7180_L1_Tile|1
ATTCAGGATACTTATCGCTACATTGATTCTTTAGCCACACGTTGTCCAGATAAAAATCCT
>HPV25_Beta_396948_nt7384_L1_Tile|1
ACAAAAACAGTTTCCTCCCGAATATCTACTAGGGGAATAAAAAGAAAACGTAAAAATTAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5944_L1_Tile|1
ATCCTTTGTTTAATAAGTTGGATGATACCGAAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5954_L1_Tile|1
TAATAAGTTGGATGATACCGAAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5959_L1_Tile|1
AGTTGGATGATACCGAAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAACAGGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5964_L1_Tile|1
GATGATACCGAAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAACAGGGACAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5969_L1_Tile|1
TACCGAAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAACAGGGACAATGTTTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5974_L1_Tile|1
AAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAACAGGGACAATGTTTCAGTTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5979_L1_Tile|1
TCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAACAGGGACAATGTTTCAGTTGATAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6059_L1_Tile|1
TATAGGTTGTACACCGCCCTTGGGAGAGCACTGGGGTATTGGCACTATATGTAAAAATAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6094_L1_Tile|1
GTATTGGCACTATATGTAAAAATACACAGACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6099_L1_Tile|1
GGCACTATATGTAAAAATACACAGACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAATTAATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6104_L1_Tile|1
TATATGTAAAAATACACAGACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAATTAATTTCCAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6109_L1_Tile|1
GTAAAAATACACAGACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAATTAATTTCCAGCATTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6114_L1_Tile|1
AATACACAGACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAATTAATTTCCAGCATTATTGAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6354_L1_Tile|1
GCCAGACATTTTATAATAAGGCGGGGGCTGTTGGGGATGCTATACCCACCACTTTGTAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6359_L1_Tile|1
ACATTTTTATAATAAGGCGGGGGCTGTTGGGGATGCTATACCCACCACTTTGTATATTAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6364_L1_Tile|1
TTTATAATAAGGCGGGGGCTGTTGGGGATGCTATACCCACCACTTTGTATATTAAAGGTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6369_L1_Tile|1
AATAAGGCGGGGGCTGTTGGGGATGCTATACCCACCACTTTGTATATTAAAGGTGCTGAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6379_L1_Tile|1
GGGCTGTTGGGGATGCTATACCCACCACTTTGTATATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6389_L1_Tile|1
GGATGCTATACCCACCACTTTGTATATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGGAGCCCCCTAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6399_L1_Tile|1
CCCACCACTTTGTATATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGGAGCCCCCTACATCTTCTATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6404_L1_Tile|1
CACTTTGTATATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGGAGCCCCCTACATCTTCTATTTATTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6409_L1_Tile|1
TGTATATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGGAGCCCCCTACATCTTCTATTTATTCTGCTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6414_L1_Tile|1
ATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGGAGCCCCCTACATCTTCTATTTATTCTGCTACACCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6719_L1_Tile|1
TCAGTTGTGTAAAAATAACACTTACAACAGATGTTATGGCTTACATACATTTAATGAATGC

>HPV26_Alpha_9627305_nt6724_L1_Tile|1
TGTGTAAAAATAACACTTACAACAGATGTTATGGCTTACATACATTTAATGAATGCCTCCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6729_L1_Tile|1
AAAATAACACTTACAACAGATGTTATGGCTTACATACATTTAATGAATGCCTCCATATTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6739_L1_Tile|1
TTACAACAGATGTTATGGCTTACATACATTTAATGAATGCCTCCATATTGGAGGATTGGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6759_L1_Tile|1
TACATACATTTAATGAATGCCTCCATATTGGAGGATTGGAATTTTGGACTAACCTTACCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6974_L1_Tile|1
ATTTCCACTAGGGCGTAAGTTTATGTTACAGGCCGGCATACAACGGCGGCCGAACTAGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6979_L1_Tile|1
CACTAGGGCGTAAGTTTATGTTACAGGCCGGCATACAACGGCGGCCGAACTAGGCACCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6984_L1_Tile|1
GGGCGTAAGTTTATGTTACAGGCCGGCATACAACGGCGGCCGAACTAGGCACCAAACGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6989_L1_Tile|1
TAAGTTTATGTTACAGGCCGGCATACAACGGCGGCCGAACTAGGCACCAAACGTCCCTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6994_L1_Tile|1
TTATGTTACAGGCCGGCATACAACGGCGGCCGAACTAGGCACCAAACGTCCCTTATCTT
>HPV27_Alpha_396964_nt5458_L1_Tile|1
GATGTCTCGCAGCCATTGGACGATTACTACCCAGCCCTCGCGGCTCCCTGGCTAATACC
>HPV27_Alpha_396964_nt5468_L1_Tile|1
AGCCATTGGACGATTACTACCCAGCCCTCGCGGCTCCCTGGCTAATACCACGGTATCTG
>HPV27_Alpha_396964_nt5483_L1_Tile|1
ACTACCCAGCCCTCGCGGCTCCCTGGCTAATACCACGGTATCTGCCTCCTCTGCATCTA
>HPV27_Alpha_396964_nt5513_L1_Tile|1
ATACCACGGTATCTGCCTCCTCTGCATCTACACTGCGAGGGTCCACTACAGCCCTCTCT
>HPV27_Alpha_396964_nt5903_L1_Tile|1
CACCCATATTATTCTATAAAGAAGGGTAGCAATAATAGGTTGGCAGTGCCTAAGGTGTCC
>HPV27_Alpha_396964_nt5918_L1_Tile|1
ATAAAGAAGGGTAGCAATAATAGGTTGGCAGTGCCTAAGGTGTCCGGCTACCAATACCGT
>HPV27_Alpha_396964_nt5923_L1_Tile|1
GAAGGGTAGCAATAATAGGTTGGCAGTGCCTAAGGTGTCCGGCTACCAATACCGTGTATT
>HPV27_Alpha_396964_nt6763_L1_Tile|1
ACGGAGTACCAATGTCTCTCTGTGTGCAGCTGAGGTGTCTGATAATACTAATTATAAAGC
>HPV27_Alpha_396964_nt6773_L1_Tile|1
AATGTCTCTCTGTGTGCAGCTGAGGTGTCTGATAATACTAATTATAAAGCTACGAATTTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt5881_L1_Tile|1
TCCTTATTTTCCCATTCCTAAATCATCCACTAACAAAGCAGATGTGCCCCAAAGTGTCCGC
>HPV28_Alpha_1020202_nt5886_L1_Tile|1
ATTTTCCCATTCCTAAATCATCCACTAACAAAGCAGATGTGCCCCAAAGTGTCCGCCTTTC
>HPV28_Alpha_1020202_nt5891_L1_Tile|1
CCCATTCCCTAAATCATCCACTAACAAAGCAGATGTGCCCCAAAGTGTCCGCCTTTCAGTAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt5901_L1_Tile|1
AATCATCCACTAACAAAGCAGATGTGCCCCAAAGTGTCCGCCTTTCAGTATAGGGTATTCC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6491_L1_Tile|1
AAGGAACAACCTTTTCGCTCGGCATTTTTTTAATAGAGCTGGTGTGCTGGGGACACCATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6521_L1_Tile|1
AATAGAGCTGGTGTGCTGGGGACACCATTCTGAAACATTGTATATTAAAGGTCAGGGC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6531_L1_Tile|1
GTGTTGCTGGGGACACCATTCTGAAACATTGTATATTAAAGGTCAGGGCAACGGGAGGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt6536_L1_Tile|1
GCTGGGGACACCATTCTGAAACATTGTATATTAAAGGTCAGGGCAACGGGAGGGATGTG
>HPV28_Alpha_1020202_nt6541_L1_Tile|1
GGACACCATTCTGAAACATTGTATATTAAAGGTCAGGGCAACGGGAGGGATGTGATTGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt6546_L1_Tile|1

CCATTCTGAAACATTGTATATTAAAGGTCAGGGCAACGGGAGGGATGTGATTGGTAGTG
>HPV28_Alpha_1020202_nt6746_L1_Tile|1
ACTACACGCAGTACAAACATGACGTTGTGTGTTTCTACTGACTCTTCAGCTACGTACGAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6771_L1_Tile|1
TGTGTGTTTCTACTGACTCTTCAGCTACGTACGATGCTAGTAAATTTAAGGAATACTTAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt6776_L1_Tile|1
GTTTCTACTGACTCTTCAGCTACGTACGATGCTAGTAAATTTAAGGAATACTTAAAGGCAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6791_L1_Tile|1
TCAGCTACGTACGATGCTAGTAAATTTAAGGAATACTTAAAGGCACGGGGAGGAGTACGAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6796_L1_Tile|1
TACGTACGATGCTAGTAAATTTAAGGAATACTTAAAGGCACGGGGAGGAGTACGATTTGCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7086_L1_Tile|1
ATCTTAAGGATCGCTTTTCTCTTGATCTATCGCAATCCCTCTGGGAAGGAAATTTTAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7106_L1_Tile|1
CTTGATCTATCGCAATCCCTCTGGGAAGGAAATTTTAAATGCAGTTGGGTGTAGGTGCC
>HPV28_Alpha_1020202_nt7156_L1_Tile|1
TGTAGGTGCCCCGCTCCAGTGTCTCCGTTTCGCAACGTCCAGCGTCCACCACGAGAGGATC
>HPV28_Alpha_1020202_nt7186_L1_Tile|1
CAAACGTCCAGCGTCCACCACGAGAGGATCGTCTGCTGCAAAACGAAAACGCGCCAAAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6329_L1_Tile|1
CACTGTGTGTGCACGCACTAGTTCCGCTGCTGGTGATTGCCCCCCCCCTGGAGTTAATGAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6334_L1_Tile|1
TGTGTGCACGCACTAGTTCCGCTGCTGGTGATTGCCCCCCCCCTGGAGTTAATGACCACAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6339_L1_Tile|1
GCACGCACTAGTTCCGCTGCTGGTGATTGCCCCCCCCCTGGAGTTAATGACCACACATATT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6579_L1_Tile|1
TTTGCCAGGCACTTCTTTAATCGTGCTGGTGCTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCTTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6584_L1_Tile|1
CAGGCACTTCTTTAATCGTGCTGGTGCTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCTTGCTACTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6594_L1_Tile|1
TTTAATCGTGCTGGTGCTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCTTGCTACTTAAAGGGTAAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6599_L1_Tile|1
TCGTGCTGGTGCTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCTTGCTACTTAAAGGGTAACAACGG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6604_L1_Tile|1
CTGGTGCTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCTTGCTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6609_L1_Tile|1
GTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCCTTGCTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGAAACT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6614_L1_Tile|1
AGGGGACAAAATCCCAGATTCCTTGCTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGAAACTCCTGG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6624_L1_Tile|1
ATCCCAGATTCCTTGCTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGAAACTCCTGGCAGTGCCATA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6629_L1_Tile|1
AGATTCTTGCTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGAAACTCCTGGCAGTGCCATATACAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6829_L1_Tile|1
GCACCAATATGTCGTTGTGTGCTACCACAGAGTCTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6834_L1_Tile|1
AATATGTCGTTGTGTGCTACCACAGAGTCTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTACCAAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6844_L1_Tile|1
TGTGTGCTACCACAGAGTCTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTACCAAGATTAAAGAAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6849_L1_Tile|1
GCTACCACAGAGTCTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTACCAAGATTAAAGAATATTTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6854_L1_Tile|1
CACAGAGTCTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTACCAAGATTAAAGAATATTTGAGACA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6859_L1_Tile|1
AGTCTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTACCAAGATTAAAGAATATTTGAGACATGGGG

>HPV29_Alpha_1020210_nt6959_L1_Tile|1
TACATTGACACCTGAAATTATGGCTTACCTTCATACTATGAACAGTGCCTTACTTGAAGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6984_L1_Tile|1
TACCTTCATACTATGAACAGTGCCTTACTTGAAGACTGGAATTTTGGATTGACATTGCCA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7224_L1_Tile|1
TTACAGATCGGTGCGCGCCGGCGTTCAGTAGTCCCCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACC
>HPV29_Alpha_1020210_nt7229_L1_Tile|1
GATCGGTGCGCGCCGGCGTTCAGTAGTCCCCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt7249_L1_Tile|1
CAGTAGTCCCCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCTGCAAAGCGAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7254_L1_Tile|1
GTCCCCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCTGCAAAGCGAAAACGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt7259_L1_Tile|1
CTCCAGAAAGCGCCGAACGACCACCACGGCCCCCACCCTGCAAAGCGAAAACGCTCGAA
>HPV30_Alpha_396973_nt5772_L1_Tile|1
ACGTTTGCTTGCTGTTGGACATCCATATTATTCTATTTCTAAGGCTGGTAATTCCAAAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt5777_L1_Tile|1
TGCTTGCTGTTGGACATCCATATTATTCTATTTCTAAGGCTGGTAATTCCAAAACAGATG
>HPV30_Alpha_396973_nt6032_L1_Tile|1
ATGACACTGAAAGTTCCACTATAGCTAATCAGGATACAGCAGAGGATAGTAGGGACAACA
>HPV30_Alpha_396973_nt6037_L1_Tile|1
ACTGAAAGTTCCACTATAGCTAATCAGGATACAGCAGAGGATAGTAGGGACAACATTTCT
>HPV30_Alpha_396973_nt6042_L1_Tile|2
AAGTTCCACTATAGCTAATCAGGATACAGCAGAGGATAGTAGGGACAACATTTCTGTTGA
>HPV30_Alpha_396973_nt6047_L1_Tile|1
CCACTATAGCTAATCAGGATACAGCAGAGGATAGTAGGGACAACATTTCTGTTGATCCAA
>HPV30_Alpha_396973_nt6087_L1_Tile|1
CAACATTTCTGTTGATCCAAAGCAAACCCAATTGTGTATTATTGGGTGCACTCCTGCTAT
>HPV30_Alpha_396973_nt6092_L1_Tile|1
TTTCTGTTGATCCAAAGCAAACCCAATTGTGTATTATTGGGTGCACTCCTGCTATAGGAG
>HPV30_Alpha_396973_nt6097_L1_Tile|1
GTTGATCCAAAGCAAACCCAATTGTGTATTATTGGGTGCACTCCTGCTATAGGAGAACAT
>HPV30_Alpha_396973_nt6412_L1_Tile|1
CAGTTATTTGCTAGGCACTACTTTAATAGGGCAGGTGCTATTGGTGAACAATTACCTAGC
>HPV30_Alpha_396973_nt6447_L1_Tile|1
TGCTATTGGTGAACAATTACCTAGCACATTATATATAAAAGGTACAAATAACAGGGATCC
>HPV30_Alpha_396973_nt6457_L1_Tile|1
GAACAATTACCTAGCACATTATATATAAAAAGGTACAAATAACAGGGATCCCCCGCCAAGC
>HPV30_Alpha_396973_nt6462_L1_Tile|2
ATTACCTAGCACATTATATATAAAAAGGTACAAATAACAGGGATCCCCCGCCAAGCTCAGT
>HPV30_Alpha_396973_nt6467_L1_Tile|1
CTAGCACATTATATATAAAAAGGTACAAATAACAGGGATCCCCCGCCAAGCTCAGTATATG
>HPV30_Alpha_396973_nt6472_L1_Tile|1
ACATTATATATAAAAAGGTACAAATAACAGGGATCCCCCGCCAAGCTCAGTATATGTTGCT
>HPV30_Alpha_396973_nt6482_L1_Tile|2
TAAAAGGTACAAATAACAGGGATCCCCCGCCAAGCTCAGTATATGTTGCTACTCCTAGTG
>HPV30_Alpha_396973_nt6822_L1_Tile|2
ACATACTATGAACTCCACTTTACTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTCACCCCCAGCTGC
>HPV30_Alpha_396973_nt6832_L1_Tile|1
AACTCCACTTTACTTGAGGGCTGGAATATTGGATTGTCACCCCCAGCTGCCACAAGCTTA
>HPV30_Alpha_396973_nt7022_L1_Tile|2
ACCTTGACCAATTCCCCTGAGGAGAAAGTTTTTAATGCAACTTGGGGTTCGTACTAAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt7032_L1_Tile|1
ATTCCCACTGGGCAGAAAGTTTTTAATGCAACTTGGGGTTCGTACTAAACCTTCTACTAC
>HPV30_Alpha_396973_nt7077_L1_Tile|1

TAAACCTTCTACTACTACTAAAAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCATC
>HPV30_Alpha_396973_nt7092_L1_Tile|1
TACTAAAAACGCTCGGCCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCATCAGCCAAACGCAAGCG
>HPV31_Alpha_333048_nt5633_L1_Tile|1
TGTAACACGAACCAACATATATTATCACGCAGGCAGTGCTAGGCTGCTTACAGTAGGCCA
>HPV31_Alpha_333048_nt5668_L1_Tile|1
GTGCTAGGCTGCTTACAGTAGGCCATCCATATTATTCCATACCTAAATCTGACAATCCTA
>HPV31_Alpha_333048_nt5673_L1_Tile|1
AGGCTGCTTACAGTAGGCCATCCATATTATTCCATACCTAAATCTGACAATCCTAAAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt5678_L1_Tile|1
GCTTACAGTAGGCCATCCATATTATTCCATACCTAAATCTGACAATCCTAAAAAAATAGT
>HPV31_Alpha_333048_nt5683_L1_Tile|1
CAGTAGGCCATCCATATTATTCCATACCTAAATCTGACAATCCTAAAAAAATAGTTGTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt5688_L1_Tile|1
GGCCATCCATATTATTCCATACCTAAATCTGACAATCCTAAAAAAATAGTTGTACCAAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt5693_L1_Tile|1
TCCATATTATTCCATACCTAAATCTGACAATCCTAAAAAAATAGTTGTACCAAAGGTGTC
>HPV31_Alpha_333048_nt5938_L1_Tile|1
ACACTGAAAACCTCTAATAGATATGCCGGTGGTCCTGGCACTGATAATAGGGAATGTATAT
>HPV31_Alpha_333048_nt5943_L1_Tile|1
GAAAACCTCTAATAGATATGCCGGTGGTCCTGGCACTGATAATAGGGAATGTATATCAATG
>HPV31_Alpha_333048_nt6028_L1_Tile|1
TACTTGGTTGCAAACCACCTATTGGAGAGCATTGGGGTAAAGGTAGTCCTTGTAGTAACA
>HPV31_Alpha_333048_nt6033_L1_Tile|1
GGTTGCAAACCACCTATTGGAGAGCATTGGGGTAAAGGTAGTCCTTGTAGTAACAATGCT
>HPV31_Alpha_333048_nt6038_L1_Tile|1
CAAACCACCTATTGGAGAGCATTGGGGTAAAGGTAGTCCTTGTAGTAACAATGCTATTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt6043_L1_Tile|1
CACCTATTGGAGAGCATTGGGGTAAAGGTAGTCCTTGTAGTAACAATGCTATTACCCCTG
>HPV31_Alpha_333048_nt6063_L1_Tile|1
GGTAAAGGTAGTCCTTGTAGTAACAATGCTATTACCCCTGGTGATTGTCCTCCATTAGAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6338_L1_Tile|1
TAATAGATCAGGCACGGTTGGTGAATCGGTCCCTACTGACTTATATATTAAAGGCTCCGG
>HPV31_Alpha_333048_nt6353_L1_Tile|1
GGTTGGTGAATCGGTCCCTACTGACTTATATATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt6358_L1_Tile|1
GTGAATCGGTCCCTACTGACTTATATATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTA
>HPV31_Alpha_333048_nt6368_L1_Tile|1
CCCTACTGACTTATATATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATA
>HPV31_Alpha_333048_nt6373_L1_Tile|1
CTGACTTATATATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTC
>HPV31_Alpha_333048_nt6378_L1_Tile|1
TTATATATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTCCTACA
>HPV31_Alpha_333048_nt6383_L1_Tile|1
TATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTCCTACACCTAG
>HPV31_Alpha_333048_nt6393_L1_Tile|1
TCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTCCTACACCTAGCGGCTCCATG
>HPV31_Alpha_333048_nt6398_L1_Tile|1
TTCAACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTCCTACACCTAGCGGCTCCATGGTTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt6403_L1_Tile|1
CAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTCCTACACCTAGCGGCTCCATGGTTACTTCAG
>HPV31_Alpha_333048_nt6568_L1_Tile|1
GTAGTACCAATATGTCTGTTTGTGCTGCAATTGCAAACAGTGATACTACATTTAAAAGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt6573_L1_Tile|1
ACCAATATGTCTGTTTGTGCTGCAATTGCAAACAGTGATACTACATTTAAAAGTAGTAAT

>HPV31_Alpha_333048_nt6578_L1_Tile|1
TATGTCTGTTTGTGCTGCAATTGCAAACAGTGATACTACATTTAAAAGTAGTAATTTTAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6588_L1_Tile|1
TGTGCTGCAATTGCAAACAGTGATACTACATTTAAAAGTAGTAATTTTAAAGAGTATTTA
>HPV31_Alpha_333048_nt6593_L1_Tile|1
TGCAATTGCAAACAGTGATACTACATTTAAAAGTAGTAATTTTAAAGAGTATTTAAGACA
>HPV31_Alpha_333048_nt6768_L1_Tile|1
GGATTGACCACACCTCCCTCAGGTTCTTTGGAGGATACCTATAGGTTTGTCCACCTCACAG
>HPV31_Alpha_333048_nt6828_L1_Tile|1
GCCATTACATGTCAAAAACTGCCCCCAAGCCCAAGGAAGATCCATTTAAAGATTAT
>HPV31_Alpha_333048_nt6948_L1_Tile|1
GGTCGCAAAATTTTATTACAGGCAGGATATAGGGCACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6953_L1_Tile|1
CAAATTTTATTACAGGCAGGATATAGGGCACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAG
>HPV31_Alpha_333048_nt6958_L1_Tile|1
TTTTATTACAGGCAGGATATAGGGCACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCAC
>HPV31_Alpha_333048_nt6963_L1_Tile|1
TTACAGGCAGGATATAGGGCACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTCA
>HPV31_Alpha_333048_nt6973_L1_Tile|1
GATATAGGGCACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATCTACCA
>HPV31_Alpha_333048_nt6983_L1_Tile|1
ACGTCCTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATCTACCACTACACCAGC
>HPV31_Alpha_333048_nt6988_L1_Tile|1
CTAAATTTAAAGCAGGTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATCTACCACTACACCAGCAAAAC
>HPV31_Alpha_333048_nt7003_L1_Tile|1
GTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATCTACCACTACACCAGCAAAACGTAAAAAACTAAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5988_L1_Tile|1
GTTCTAGGCTTTTGGCTGTTGGGCATCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5993_L1_Tile|1
AGGCTTTTGGCTGTTGGGCATCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5998_L1_Tile|1
TTTGGCTGTTGGGCATCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6003_L1_Tile|1
CTGTTGGGCATCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6008_L1_Tile|1
GGGCATCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAGGTGTCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6013_L1_Tile|1
TCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAGGTGTCTGGATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6018_L1_Tile|1
ATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAGGTGTCTGGATTGCAGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6023_L1_Tile|1
ACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAGGTGTCTGGATTGCAGTATAGA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6038_L1_Tile|1
CCCAATAGAACATCTATTCCAAAGGTGTCTGGATTGCAGTATAGAGTATTTAGGGTTAGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6263_L1_Tile|1
GGGCCTAGATATGCTGCAGGGCCTGGAAGTATAAGAGAAAATGTATCTATGGATTGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6338_L1_Tile|1
TGTTTGGTGGGTTGTAAACCTGCCATTGGCGAGCATTGGGGTAAGGGTGCTGCTTGCTCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6358_L1_Tile|1
TGCCATTGGCGAGCATTGGGGTAAGGGTGCTGCTTGCTCTGCACAATCAAATGGCGACTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6378_L1_Tile|1
GTAAGGGTGCTGCTTGCTCTGCACAATCAAATGGCGACTGCCACCTTTGGAATTACAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6453_L1_Tile|1
ATGGTGATATGGCAGATGTAGGGTTTGGAGCAATGGACTTTAGTGCTTTGCAAACCTCAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6458_L1_Tile|1

GATATGGCAGATGTAGGGTTTGGAGCAATGGACTTTAGTGCTTTGCAAACCTTCAAAAGCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6483_L1_Tile|1
CAATGGACTTTAGTGCTTTGCAAACCTTCAAAAGCTGAGGTGCCATTAGATATTATGAACT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6488_L1_Tile|1
GACTTTAGTGCTTTGCAAACCTTCAAAAGCTGAGGTGCCATTAGATATTATGAACTCCATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6648_L1_Tile|1
ATAGGGCAGGAACCCCTTGGTGAACCTGTTCCCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6653_L1_Tile|1
GCAGGAACCCCTTGGTGAACCTGTTCCCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6658_L1_Tile|1
AACCCTTGGTGAACCTGTTCCCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6668_L1_Tile|1
GAACCTGTTCCCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGGCAGAAATAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6673_L1_Tile|1
TGTTCCCTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGGCAGAAATAATTTAGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6678_L1_Tile|1
CTGAGGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGGCAGAAATAATTTAGCTAGTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6683_L1_Tile|1
GACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGGCAGAAATAATTTAGCTAGTAGTATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6888_L1_Tile|1
GTACTAACATGACTGTGTGTGCTACTGTAACAACCTGAAGACACATACAAGTCTACTAACT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6893_L1_Tile|1
AACATGACTGTGTGTGCTACTGTAACAACCTGAAGACACATACAAGTCTACTAACTTTAAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6898_L1_Tile|1
GACTGTGTGTGCTACTGTAACAACCTGAAGACACATACAAGTCTACTAACTTTAAGGAATA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6903_L1_Tile|1
TGTGTGCTACTGTAACAACCTGAAGACACATACAAGTCTACTAACTTTAAGGAATATCTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6908_L1_Tile|1
GCTACTGTAACAACCTGAAGACACATACAAGTCTACTAACTTTAAGGAATATCTACGCCAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7008_L1_Tile|1
AAATTACATTATCTGTAGAGTTATGTCATATATCCACACCATGAATCCTGACATACTAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt7038_L1_Tile|1
ATATCCACACCATGAATCCTGACATACTAGACGATTGGAATGTTGGTGTAGCTCCACCGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7113_L1_Tile|1
AAGATAGTTATAGATTTGTGCAGTCTCAGGCCATACGATGTCAAGCTAAGGTAACAGCAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7273_L1_Tile|1
TTTACTGCAAGCTGGGTTACGTGCAAGACCTAAACTTACAGCAGTAAAACGAACAGCATC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7278_L1_Tile|1
TGCAAGCTGGGTTACGTGCAAGACCTAAACTTACAGCAGTAAAACGAACAGCATCTTCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7283_L1_Tile|1
GCTGGGTTACGTGCAAGACCTAAACTTACAGCAGTAAAACGAACAGCATCTTCCAGTCAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7288_L1_Tile|1
GTTACGTGCAAGACCTAAACTTACAGCAGTAAAACGAACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7298_L1_Tile|1
AGACCTAAACTTACAGCAGTAAAACGAACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTTCTCCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7325_L1_Tile|1
ACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTTCTCCTGCAAAACGCAGAAAAACACGTAAATAA
>HPV33_Alpha_333049_nt5725_L1_Tile|1
CTGTTGGCCATCCATATTTTTCTATTAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGGTAC
>HPV33_Alpha_333049_nt5730_L1_Tile|1
GGCCATCCATATTTTTCTATTAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGGTACCCAAA
>HPV33_Alpha_333049_nt5735_L1_Tile|1
TCCATATTTTTCTATTAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGGTACCCAAAGTATC
>HPV33_Alpha_333049_nt5740_L1_Tile|1
ATTTTTCTATTAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGGTACCCAAAGTATCAGGCT

>HPV33_Alpha_333049_nt5745_L1_Tile|1
TCTATTAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGGTACCCAAAGTATCAGGCTTGCAA
>HPV33_Alpha_333049_nt5750_L1_Tile|1
TAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGGTACCCAAAGTATCAGGCTTGCAATATAG
>HPV33_Alpha_333049_nt6385_L1_Tile|1
CTGGTACATTAGGAGAGGCTGTTCCCGATGACCTGTACATTAAAGGTTTCAGGAACACTACTG
>HPV33_Alpha_333049_nt6390_L1_Tile|1
ACATTAGGAGAGGCTGTTCCCGATGACCTGTACATTAAAGGTTTCAGGAACACTACTGCCTCT
>HPV33_Alpha_333049_nt6395_L1_Tile|1
AGGAGAGGCTGTTCCCGATGACCTGTACATTAAAGGTTTCAGGAACACTACTGCCTCTATTCA
>HPV33_Alpha_333049_nt6400_L1_Tile|1
AGGCTGTTCCCGATGACCTGTACATTAAAGGTTTCAGGAACACTACTGCCTCTATTCAAAGCA
>HPV33_Alpha_333049_nt6405_L1_Tile|1
GTTCCCGATGACCTGTACATTAAAGGTTTCAGGAACACTACTGCCTCTATTCAAAGCAGTGCT
>HPV33_Alpha_333049_nt6865_L1_Tile|1
CTATTACGTGTCAAAAAACAGTACCTCCAAAGGAAAAGGAAGACCCCTTAGGTAAATATA
>HPV33_Alpha_333049_nt6995_L1_Tile|1
TTTATTACAGGCAGGTCTTAAAGCAAAACCTAAACTTAAACGTGCAGCCCCCACATCCAC
>HPV33_Alpha_333049_nt7000_L1_Tile|1
TACAGGCAGGTCTTAAAGCAAAACCTAAACTTAAACGTGCAGCCCCCACATCCACCCGCA
>HPV33_Alpha_333049_nt7010_L1_Tile|1
TCTTAAAGCAAAACCTAAACTTAAACGTGCAGCCCCCACATCCACCCGCACATCGTCTGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5616_L1_Tile|1
TAGTACACGCTTGCTGGCAGTAGGACATCCCTATTATCCTATAAAAGGATACTAATGGGAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5626_L1_Tile|1
TTGCTGGCAGTAGGACATCCCTATTATCCTATAAAAGGATACTAATGGGAAACGTAAGATT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5631_L1_Tile|1
GGCAGTAGGACATCCCTATTATCCTATAAAAGGATACTAATGGGAAACGTAAGATTGCTGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5636_L1_Tile|1
TAGGACATCCCTATTATCCTATAAAAGGATACTAATGGGAAACGTAAGATTGCTGTACCTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5646_L1_Tile|1
CTATTATCCTATAAAAGGATACTAATGGGAAACGTAAGATTGCTGTACCTAAAGTTTCAGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5866_L1_Tile|1
CCTTTTATGAATAAACTTGAGGATACTGAAAATGCTGCAAAATATATTGGTGGAACATA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5876_L1_Tile|1
ATAAACTTGAGGATACTGAAAATGCTGCAAAATATATTGGTGGAACATAGCAGATAGTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5881_L1_Tile|1
CTTGAGGATACTGAAAATGCTGCAAAATATATTGGTGGAACATAGCAGATAGTAGGGAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5886_L1_Tile|1
GGATACTGAAAATGCTGCAAAATATATTGGTGGAACATAGCAGATAGTAGGGAGTGTAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5901_L1_Tile|1
TGCAAAATATATTGGTGGAACATAGCAGATAGTAGGGAGTGTATGTCAGTAGATTATAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6011_L1_Tile|1
GGGGTACAGGCACACCATGTGGTACCCAAAATGCTGGGGAATGTCCTCCGCTTGAATTAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6016_L1_Tile|1
ACAGGCACACCATGTGGTACCCAAAATGCTGGGGAATGTCCTCCGCTTGAATTAAAGAAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6026_L1_Tile|1
CATGTGGTACCCAAAATGCTGGGGAATGTCCTCCGCTTGAATTAAAGAACACCACCTATAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6266_L1_Tile|1
TTGTTAGACACCTATTTAACAGGGCAGGTACTGTAGGCGATGCTATTCCAGATGACTTAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6276_L1_Tile|1
CCTATTTAACAGGGCAGGTACTGTAGGCGATGCTATTCCAGATGACTTAATGATTAAGGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6281_L1_Tile|1
TTAACAGGGCAGGTACTGTAGGCGATGCTATTCCAGATGACTTAATGATTAAGGGTACAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6506_L1_Tile|1

CTACTAGAAGCACAACTTTTCAGTTTGTGTAGGTACACAATCCACAAGTACAACCTGCAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6511_L1_Tile|1
AGAAGCACAACTTTTCAGTTTGTGTAGGTACACAATCCACAAGTACAACCTGCACCATAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6516_L1_Tile|1
CACAACTTTTCAGTTTGTGTAGGTACACAATCCACAAGTACAACCTGCACCATATGCAAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6536_L1_Tile|1
TAGGTACACAATCCACAAGTACAACCTGCACCATATGCAAACAGTAATTTTAAGGAATACC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6541_L1_Tile|1
ACACAATCCACAAGTACAACCTGCACCATATGCAAACAGTAATTTTAAGGAATACCTCAGA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6546_L1_Tile|1
ATCCACAAGTACAACCTGCACCATATGCAAACAGTAATTTTAAGGAATACCTCAGACATGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6936_L1_Tile|1
TCCTAGGTTACAGGCCTCTAAACGGTCTGCACCTTCATCATCTAGTACAGCACCTAAGAA
>HPV35_Alpha_333050_nt5690_L1_Tile|1
GTTCTAGGCTATTAGCTGTGGGTCACCCATACTATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATA
>HPV35_Alpha_333050_nt5695_L1_Tile|1
AGGCTATTAGCTGTGGGTCACCCATACTATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAATA
>HPV35_Alpha_333050_nt5700_L1_Tile|1
ATTAGCTGTGGGTCACCCATACTATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAATAGCAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt5710_L1_Tile|1
GGTCACCCATACTATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAATAGCAGTACCCAAGGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5720_L1_Tile|1
ACTATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAATAGCAGTACCCAAGGTATCTGGTTTGC
>HPV35_Alpha_333050_nt5725_L1_Tile|1
GCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAATAGCAGTACCCAAGGTATCTGGTTTGCAATAC
>HPV35_Alpha_333050_nt5730_L1_Tile|1
TAAAAACAAGATTCTAATAAAATAGCAGTACCCAAGGTATCTGGTTTGCAATACAGAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt5735_L1_Tile|1
AACAAGATTCTAATAAAATAGCAGTACCCAAGGTATCTGGTTTGCAATACAGAGTATTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5955_L1_Tile|1
TGATACTGAAAATCTTAATAAATATGTTGGTAACTCTGGTAACTCTGGTACAGATAACAG
>HPV35_Alpha_333050_nt5960_L1_Tile|1
CTGAAAATCTTAATAAATATGTTGGTAACTCTGGTAACTCTGGTACAGATAACAGGGAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt5970_L1_Tile|1
TAATAAATATGTTGGTAACTCTGGTAACTCTGGTACAGATAACAGGGAATGCATTTCTAT
>HPV35_Alpha_333050_nt6085_L1_Tile|1
CATTGGGGAAAAGGCACACCTTGTAATGCTAACCAGGTAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCT
>HPV35_Alpha_333050_nt6090_L1_Tile|1
GGGAAAAGGCACACCTTGTAATGCTAACCAGGTAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCTTTGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt6095_L1_Tile|1
AAGGCACACCTTGTAATGCTAACCAGGTAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCTTTGGAGTTAC
>HPV35_Alpha_333050_nt6100_L1_Tile|1
ACACCTTGTAATGCTAACCAGGTAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCTTTGGAGTTACTAAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt6105_L1_Tile|1
TTGTAATGCTAACCAGGTAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCTTTGGAGTTACTAAACACTGT
>HPV35_Alpha_333050_nt6110_L1_Tile|1
ATGCTAACCAGGTAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCTTTGGAGTTACTAAACACTGTACTAC
>HPV35_Alpha_333050_nt6140_L1_Tile|1
CTCCTTTGGAGTTACTAAACACTGTACTACAAGACGCGGACATGGTAGACACAGGATTTG
>HPV35_Alpha_333050_nt6200_L1_Tile|1
GTGCAATGGATTTTACTACATTACAAGCTAATAAAAGTGATGTTCCCCTAGATATATGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt6205_L1_Tile|1
ATGGATTTTACTACATTACAAGCTAATAAAAGTGATGTTCCCCTAGATATATGCAGTTCC
>HPV35_Alpha_333050_nt6210_L1_Tile|1
TTTTACTACATTACAAGCTAATAAAAGTGATGTTCCCCTAGATATATGCAGTTCCATTTG

>HPV35_Alpha_333050_nt6375_L1_Tile|1
TGGAAGTGTAGGTGAAACAGTACCTGCAGACCTATATATTAAGGGTACCACTGGCACATT
>HPV35_Alpha_333050_nt6380_L1_Tile|1
CTGTAGGTGAAACAGTACCTGCAGACCTATATATTAAGGGTACCACTGGCACATTGCCTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6395_L1_Tile|1
TACCTGCAGACCTATATATTAAGGGTACCACTGGCACATTGCCTAGTACTAGTTATTTTC
>HPV35_Alpha_333050_nt6405_L1_Tile|1
CCTATATATTAAGGGTACCACTGGCACATTGCCTAGTACTAGTTATTTTCCTACTCCTAG
>HPV35_Alpha_333050_nt6410_L1_Tile|1
ATATTAAGGGTACCACTGGCACATTGCCTAGTACTAGTTATTTTCCTACTCCTAGTGGCT
>HPV35_Alpha_333050_nt6570_L1_Tile|1
TACTGTAGTTGATACAACCCGTAGTACAAATATGTCTGTGTGTTCTGCTGTGTCTTCTAG
>HPV35_Alpha_333050_nt6575_L1_Tile|1
TAGTTGATACAACCCGTAGTACAAATATGTCTGTGTGTTCTGCTGTGTCTTCTAGTGACA
>HPV35_Alpha_333050_nt6580_L1_Tile|1
GATACAACCCGTAGTACAAATATGTCTGTGTGTTCTGCTGTGTCTTCTAGTGACAGTACA
>HPV35_Alpha_333050_nt6710_L1_Tile|1
TATGTAAATAACACTAACAGCAGATGTTATGACATATATTCATAGTATGAACCCGTCCA
>HPV35_Alpha_333050_nt6815_L1_Tile|1
CCTTAGAGGACACATATCGCTATGTAACATCACAGGCTGTAACCTGTCAAAAACCCAGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt6840_L1_Tile|1
AACATCACAGGCTGTAACCTGTCAAAAACCCAGTGACCAAAACCTAAAGATGATCCATT
>HPV35_Alpha_333050_nt6970_L1_Tile|1
GGCCGTAAATTTTGTTCACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGG
>HPV35_Alpha_333050_nt6980_L1_Tile|1
TTTTGTTCACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTC
>HPV35_Alpha_333050_nt6985_L1_Tile|1
TTACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt6990_L1_Tile|1
AGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTAC
>HPV35_Alpha_333050_nt6995_L1_Tile|1
GACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTA
>HPV35_Alpha_333050_nt7000_L1_Tile|1
AAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTAAAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt7005_L1_Tile|1
CAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTAAAAAATCTTC
>HPV35_Alpha_333050_nt7010_L1_Tile|1
CTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTAAAAAATCTTCTACTA
>HPV35_Alpha_333050_nt7015_L1_Tile|1
TTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTAAAAAATCTTCTACTAAACGT
>HPV35_Alpha_333050_nt7025_L1_Tile|1
GCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTAAAAAATCTTCTACTAAACGTAGAAAAGTAA
>HPV36_Beta_1020218_nt5967_L1_Tile|1
GATGAATATATACAAAGGACAAATATTTATTATCATGCATTTCAGCGACAGACTACTGACT
>HPV36_Beta_1020218_nt5972_L1_Tile|1
ATATATACAAAGGACAAATATTTATTATCATGCATTTCAGCGACAGACTACTGACTGTAGG
>HPV36_Beta_1020218_nt5987_L1_Tile|1
AAATATTTATTATCATGCATTTCAGCGACAGACTACTGACTGTAGGCCATCCATACTTCAA
>HPV36_Beta_1020218_nt6022_L1_Tile|2
TGACTGTAGGCCATCCATACTTCAATGTTTACGATATTACTGGTAACAAATTAGAAGTCC
>HPV36_Beta_1020218_nt6027_L1_Tile|1
GTAGGCCATCCATACTTCAATGTTTACGATATTACTGGTAACAAATTAGAAGTCCCTAAA
>HPV36_Beta_1020218_nt6047_L1_Tile|1
TGTTTACGATATTACTGGTAACAAATTAGAAGTCCCTAAAGTGTCTGGTAACCAACACAG
>HPV36_Beta_1020218_nt6062_L1_Tile|2

TGGTAACAAATTAGAAAGTCCCTAAAGTGTCTGGTAACCAACACAGGGTTTTTCGCTTGAA
>HPV36_Beta_1020218_nt6387_L1_Tile|1
GGTGAACATTGGGACAAGGCTATACCTTGTGAAAAGGAGCGCCAGGACAACAGACTATGC
>HPV36_Beta_1020218_nt6397_L1_Tile|1
GGGACAAGGCTATACCTTGTGAAAAGGAGCGCCAGGACAACAGACTATGCCCACCAATTG
>HPV36_Beta_1020218_nt6402_L1_Tile|2
AAGGCTATACCTTGTGAAAAGGAGCGCCAGGACAACAGACTATGCCCACCAATTGAATTG
>HPV36_Beta_1020218_nt6407_L1_Tile|1
TATACCTTGTGAAAAGGAGCGCCAGGACAACAGACTATGCCCACCAATTGAATTGAAAAC
>HPV36_Beta_1020218_nt6427_L1_Tile|1
GCCAGGACAACAGACTATGCCCACCAATTGAATTGAAAACACTTATATAGAAGATGGCG
>HPV36_Beta_1020218_nt6487_L1_Tile|1
ACATGGCAGATATAGGTTTTGGAAATTTAAACTTCAAAAATCTGCAAGAGAGTAGGTCAG
>HPV36_Beta_1020218_nt6492_L1_Tile|1
GCAGATATAGGTTTTGGAAATTTAAACTTCAAAAATCTGCAAGAGAGTAGGTCAGATGTA
>HPV36_Beta_1020218_nt6497_L1_Tile|1
TATAGGTTTTGGAAATTTAAACTTCAAAAATCTGCAAGAGAGTAGGTCAGATGTAAGTTT
>HPV36_Beta_1020218_nt6502_L1_Tile|2
GTTTTGGAAATTTAAACTTCAAAAATCTGCAAGAGAGTAGGTCAGATGTAAGTTTGGATA
>HPV36_Beta_1020218_nt6687_L1_Tile|1
AAAACGGGTGACGACATCCCTGACGCCAGAATTGATAATGGGACTTTTAAGAATCAGTTT
>HPV36_Beta_1020218_nt6692_L1_Tile|1
GGGTGACGACATCCCTGACGCCAGAATTGATAATGGGACTTTTAAGAATCAGTTTTTCAT
>HPV36_Beta_1020218_nt6707_L1_Tile|1
TGACGCCAGAATTGATAATGGGACTTTTAAGAATCAGTTTTTCATTCTGGGGCTGACGG
>HPV36_Beta_1020218_nt6927_L1_Tile|1
GTAGACAACACACGAAATACTAACTTTAGTATTTCAATATATAACAATAATGGGGGACTA
>HPV36_Beta_1020218_nt6942_L1_Tile|2
AATACTAACTTTAGTATTTCAATATATAACAATAATGGGGGACTAAAGGACATCAATGAT
>HPV36_Beta_1020218_nt6947_L1_Tile|1
TAACTTTAGTATTTCAATATATAACAATAATGGGGGACTAAAGGACATCAATGATTACAC
>HPV36_Beta_1020218_nt6952_L1_Tile|1
TTAGTATTTCAATATATAACAATAATGGGGGACTAAAGGACATCAATGATTACACTGCAG
>HPV36_Beta_1020218_nt6962_L1_Tile|2
AATATATAACAATAATGGGGGACTAAAGGACATCAATGATTACACTGCAGAGCAATTTAG
>HPV36_Beta_1020218_nt6967_L1_Tile|1
ATAACAATAATGGGGGACTAAAGGACATCAATGATTACACTGCAGAGCAATTTAGAGAAT
>HPV36_Beta_1020218_nt6987_L1_Tile|1
AAGGACATCAATGATTACACTGCAGAGCAATTTAGAGAATATCAAAGGCACGTGGAGGAA
>HPV36_Beta_1020218_nt7152_L1_Tile|1
GGTTTTGTACCTACTCCAGATAACCCTATTCAAGACACCTATCGATATATTGATTCATTA
>HPV36_Beta_1020218_nt7162_L1_Tile|2
CTACTCCAGATAACCCTATTCAAGACACCTATCGATATATTGATTCATTAGCCACTCGCT
>HPV36_Beta_1020218_nt7167_L1_Tile|1
CCAGATAACCCTATTCAAGACACCTATCGATATATTGATTCATTAGCCACTCGCTGTCCT
>HPV36_Beta_1020218_nt7242_L1_Tile|2
AAGGAAAAAGAGGATCCCTACAAGGGGTAAAGTTCTGGGATGTGGATCTTACTGAACGG
>HPV36_Beta_1020218_nt7252_L1_Tile|1
AGGATCCCTACAAGGGGTAAAGTTCTGGGATGTGGATCTTACTGAACGGTTGTCACTAG
>HPV36_Beta_1020218_nt7257_L1_Tile|1
CCCTACAAGGGGTAAAGTTCTGGGATGTGGATCTTACTGAACGGTTGTCACTAGATTTG
>HPV36_Beta_1020218_nt7382_L1_Tile|2
TACAAAATCAGTGTCTTATCGAGGGTTTACCAGAGGAACCAAGCGCAAGCGAAAACAGTA
>HPV36_Beta_1020218_nt7383_L1_Tile|1
ACAAAATCAGTGTCTTATCGAGGGTTTACCAGAGGAACCAAGCGCAAGCGAAAACAGTAA

>HPV37_Beta_1020226_nt6027_L1_Tile|1
CGGGCTTGGAGATAGGCCGAGGGCAACCACTTGGAGTAGGAACGACAGGTCACCCTTTAT
>HPV37_Beta_1020226_nt6082_L1_Tile|2
TTTATTTAATAAATTAAGGGACACTGAGAATAATAGTAATTACCAAGGGGGGTCACGGGA
>HPV37_Beta_1020226_nt6087_L1_Tile|1
TTAATAAATTAAGGGACACTGAGAATAATAGTAATTACCAAGGGGGGTCACGGGATGATA
>HPV37_Beta_1020226_nt6092_L1_Tile|1
AAATTAAGGGACACTGAGAATAATAGTAATTACCAAGGGGGGTCACGGGATGATAGACAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6097_L1_Tile|1
AAGGGACACTGAGAATAATAGTAATTACCAAGGGGGGTCACGGGATGATAGACAAAACAC
>HPV37_Beta_1020226_nt6102_L1_Tile|2
ACACTGAGAATAATAGTAATTACCAAGGGGGGTCACGGGATGATAGACAAAACACATCAT
>HPV37_Beta_1020226_nt6107_L1_Tile|1
GAGAATAATAGTAATTACCAAGGGGGGTCACGGGATGATAGACAAAACACATCATTTGAT
>HPV37_Beta_1020226_nt6227_L1_Tile|1
AAAGCACCAGTTTGTGCATCAGAGGAAAATAATCAGACAGGACAGTGTCCACCACTTGAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6232_L1_Tile|1
ACCAGTTTGTGCATCAGAGGAAAATAATCAGACAGGACAGTGTCCACCACTTGAATTAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6247_L1_Tile|1
AGAGGAAAATAATCAGACAGGACAGTGTCCACCACTTGAATTAAAAAACACAGTGATTGA
>HPV37_Beta_1020226_nt6312_L1_Tile|1
GGGACATGTTTGATATAGGGTTCGGAATATTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAAT
>HPV37_Beta_1020226_nt6317_L1_Tile|1
ATGTTTGATATAGGGTTCGGAATATTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAATCAGAT
>HPV37_Beta_1020226_nt6322_L1_Tile|2
TGATATAGGGTTCGGAATATTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAATCAGATGTTAG
>HPV37_Beta_1020226_nt6327_L1_Tile|1
TAGGGTTCGGAATATTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAATCAGATGTTAGTTTAG
>HPV37_Beta_1020226_nt6332_L1_Tile|1
TTCGGAATATTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAATCAGATGTTAGTTTAGATATA
>HPV37_Beta_1020226_nt6337_L1_Tile|1
AAATATTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAATCAGATGTTAGTTTAGATATAGTAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6342_L1_Tile|2
TTAACAATAAGGTTCTCTCTACTAATAAATCAGATGTTAGTTTAGATATAGTAAATGAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6527_L1_Tile|1
GCTATTCCCGATGGCACTGTTAATCAGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGAC
>HPV37_Beta_1020226_nt6532_L1_Tile|1
TCCCGATGGCACTGTTAATCAGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCA
>HPV37_Beta_1020226_nt6542_L1_Tile|2
ACTGTTAATCAGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTG
>HPV37_Beta_1020226_nt6547_L1_Tile|1
TAATCAGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTGTTAGG
>HPV37_Beta_1020226_nt6552_L1_Tile|1
AGGACCACAAATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTGTTAGGCAATT
>HPV37_Beta_1020226_nt6562_L1_Tile|2
ATATTACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTGTTAGGCAATTCTACCTATTT
>HPV37_Beta_1020226_nt6567_L1_Tile|1
ACTTACCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTGTTAGGCAATTCTACCTATTTTCCCA
>HPV37_Beta_1020226_nt6572_L1_Tile|1
CCTGCCAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTGTTAGGCAATTCTACCTATTTTCCCACTGTT
>HPV37_Beta_1020226_nt6577_L1_Tile|1
CAAATCAGACCAGCAGCAGTATCTGTTAGGCAATTCTACCTATTTTCCCACTGTTAGTGG
>HPV37_Beta_1020226_nt6972_L1_Tile|1
CTACTCCAGATAATTACGTACATGACCTTTATAGGTACATTAATTCAAAGGCTACCAAGT
>HPV37_Beta_1020226_nt7112_L1_Tile|1

TTATCATTGGATTTAGATCAATATCCTTTAGGGAGGAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTG
>HPV37_Beta_1020226_nt7122_L1_Tile|2
ATTTAGATCAATATCCTTTAGGGAGGAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGAC
>HPV37_Beta_1020226_nt7127_L1_Tile|1
GATCAATATCCTTTAGGGAGGAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGA
>HPV37_Beta_1020226_nt7132_L1_Tile|1
ATATCCTTTAGGGAGGAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt7137_L1_Tile|1
CTTTAGGGAGGAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGAT
>HPV37_Beta_1020226_nt7142_L1_Tile|2
GGGAGGAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCT
>HPV37_Beta_1020226_nt7147_L1_Tile|1
GAAATTCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt7152_L1_Tile|1
TCATCTTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt7157_L1_Tile|1
TTTCAGTCGGGATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGTCTAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt7167_L1_Tile|1
GATTGCAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGTCTAAAGGTACAAAGC
>HPV37_Beta_1020226_nt7172_L1_Tile|1
CAAAGTAGACCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGTCTAAAGGTACAAAGCGTAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt7181_L1_Tile|1
CCTAGAATTGTTTCGATCGTCTGTAAAAGTGTCTAAAGGTACAAAGCGTAAACGGTCGTGA
>HPV38_Beta_1020234_nt6352_L1_Tile|1
TACCCAGATTTTCTTACCATGTCTAATGATGTTTATGGTGATTCTTGCTTCTTTTTTGTG
>HPV38_Beta_1020234_nt6437_L1_Tile|1
ATTATTTTGTTCGAGGTGGTGCAGTGGGTGACGCTATTCCAGATGGTACTGTCAACCAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6442_L1_Tile|2
TTTGTTCGAGGTGGTGCAGTGGGTGACGCTATTCCAGATGGTACTGTCAACCAAAATCAT
>HPV38_Beta_1020234_nt6462_L1_Tile|2
GGGTGACGCTATTCCAGATGGTACTGTCAACCAAAATCATAATTATTATTACCTGCAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6467_L1_Tile|1
ACGCTATTCCAGATGGTACTGTCAACCAAAATCATAATTATTATTATTACCTGCAAAAAATG
>HPV38_Beta_1020234_nt6477_L1_Tile|1
AGATGGTACTGTCAACCAAAATCATAATTATTATTATTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCA
>HPV38_Beta_1020234_nt6482_L1_Tile|2
GTACTGTCAACCAAAATCATAATTATTATTATTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGCA
>HPV38_Beta_1020234_nt6487_L1_Tile|1
GTCAACCAAAATCATAATTATTATTATTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGCACTTTA
>HPV38_Beta_1020234_nt6492_L1_Tile|1
CCAAAATCATAATTATTATTATTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGCACTTTAGGGAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6497_L1_Tile|1
ATCATAATTATTATTATTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGCACTTTAGGGAACTCTA
>HPV38_Beta_1020234_nt6502_L1_Tile|2
AATTATTATTATTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGCACTTTAGGGAACTCTACGTAT
>HPV38_Beta_1020234_nt6507_L1_Tile|1
TTATTATTACCTGCAAAAAATGGACAGGGTCAACGCACTTTAGGGAACTCTACGTATTTTCC
>HPV38_Beta_1020234_nt6537_L1_Tile|1
ACGCACTTTAGGGAACCTCTACGTATTTTCCAACAGTTAGTGGATCCTTGGTGACGTCTGA
>HPV38_Beta_1020234_nt6667_L1_Tile|1
AATCAAATGTTTGTACAGTCGCTGATAATACCCGAAATACAACTTTACAATCAGTGTA
>HPV38_Beta_1020234_nt6672_L1_Tile|1
AATGTTTGTACAGTCGCTGATAATACCCGAAATACAACTTTACAATCAGTGTATCCAC
>HPV38_Beta_1020234_nt6677_L1_Tile|1
TTGTTACAGTCGCTGATAATACCCGAAATACAACTTTACAATCAGTGTATCCACTGAAA

>HPV38_Beta_1020234_nt6682_L1_Tile|2
ACAGTCGCTGATAATACCCGAAATACAACTTTACAATCAGTGTATCCACTGAAAACGGG
>HPV38_Beta_1020234_nt6692_L1_Tile|1
ATAATACCCGAAATACAACTTTACAATCAGTGTATCCACTGAAAACGGGGGTGCTCAAG
>HPV38_Beta_1020234_nt6702_L1_Tile|2
AAATACAACTTTACAATCAGTGTATCCACTGAAAACGGGGGTGCTCAAGAATATGATTC
>HPV38_Beta_1020234_nt6797_L1_Tile|1
AATACCAATTGTCATTTATATTGCAATTGTGTAAGGTTCTTTAAATGCTGAAGTGCTGA
>HPV38_Beta_1020234_nt6802_L1_Tile|2
CAATTGTCATTTATATTGCAATTGTGTAAGGTTCTTTAAATGCTGAAGTGCTGACACAG
>HPV38_Beta_1020234_nt6807_L1_Tile|1
GTCATTTATATTGCAATTGTGTAAGGTTCTTTAAATGCTGAAGTGCTGACACAGATTAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6897_L1_Tile|1
GCAATTAGGCTTTGTACCCACCCAGACAATTCTGTACACGATACATATCGTTACATAAC
>HPV38_Beta_1020234_nt6907_L1_Tile|1
TTTGTACCCACCCAGACAATTCTGTACACGATACATATCGTTACATAACATCTAAAGCA
>HPV38_Beta_1020234_nt6922_L1_Tile|2
GACAATTCTGTACACGATACATATCGTTACATAACATCTAAAGCAACTAAATGTCCAGAT
>HPV38_Beta_1020234_nt6927_L1_Tile|1
TTCTGTACACGATACATATCGTTACATAACATCTAAAGCAACTAAATGTCCAGATGCAGT
>HPV38_Beta_1020234_nt6937_L1_Tile|1
GATACATATCGTTACATAACATCTAAAGCAACTAAATGTCCAGATGCAGTGCCTGAAACA
>HPV38_Beta_1020234_nt6942_L1_Tile|2
ATATCGTTACATAACATCTAAAGCAACTAAATGTCCAGATGCAGTGCCTGAAACAGAAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt7092_L1_Tile|1
ATTTTTTATTCCAAGCAGGTTTACAAACAGCACGAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGT
>HPV38_Beta_1020234_nt7097_L1_Tile|1
TATTCCAAGCAGGTTTACAAACAGCACGAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAA
>HPV38_Beta_1020234_nt7102_L1_Tile|2
CAAGCAGGTTTACAAACAGCACGAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAATCT
>HPV38_Beta_1020234_nt7107_L1_Tile|1
AGGTTTACAAACAGCACGAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAATCTTCCAA
>HPV38_Beta_1020234_nt7112_L1_Tile|1
TACAAACAGCACGAACACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAATCTTCCAAATCTG
>HPV38_Beta_1020234_nt7127_L1_Tile|1
CACGTGCTGTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAATCTTCCAAATCTGTAAAACGCAAAGGA
>HPV38_Beta_1020234_nt7135_L1_Tile|1
GTCAAACGGCCGTTAGTAAGAAAATCTTCCAAATCTGTAAAACGCAAAGGACCCAGTAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6004_L1_Tile|1
CCATTATATAATAGACAGGATGATACTGAAAACCTACCATTTTCATCAACCACCAATAAG
>HPV39_Alpha_333245_nt6009_L1_Tile|1
ATATAATAGACAGGATGATACTGAAAACCTACCATTTTCATCAACCACCAATAAGGACAG
>HPV39_Alpha_333245_nt6014_L1_Tile|1
ATAGACAGGATGATACTGAAAACCTACCATTTTCATCAACCACCAATAAGGACAGTAGGG
>HPV39_Alpha_333245_nt6419_L1_Tile|1
TTTGGAATCGTGGTGGTATGGTGGGTGACGCCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCA
>HPV39_Alpha_333245_nt6424_L1_Tile|1
AATCGTGGTGGTATGGTGGGTGACGCCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6429_L1_Tile|1
TGGTGGTATGGTGGGTGACGCCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATACG
>HPV39_Alpha_333245_nt6439_L1_Tile|1
GTGGGTGACGCCATTCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAAACCCC
>HPV39_Alpha_333245_nt6454_L1_Tile|1
CCTGCCCAATTGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAAACCCCCGGTAGTTCTGTATAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6469_L1_Tile|1

ATTAAGGGGCACAGATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTGTATACTGCCCCCTCTCCCAGC
>HPV39_Alpha_333245_nt6479_L1_Tile|1
CAGATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTGTATACTGCCCCCTCTCCCAGCGGTTCCATGG
>HPV39_Alpha_333245_nt6489_L1_Tile|1
TGCAAACCCCGGTAGTTCTGTATACTGCCCCCTCTCCCAGCGGTTCCATGGTAACCTCTGA
>HPV39_Alpha_333245_nt6499_L1_Tile|1
GGTAGTTCTGTATACTGCCCCCTCTCCCAGCGGTTCCATGGTAACCTCTGATTCCCAGTTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6619_L1_Tile|1
AATCAATTATTTCTTACTGTTGTGGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACC
>HPV39_Alpha_333245_nt6624_L1_Tile|1
ATTATTTCTTACTGTTGTGGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6629_L1_Tile|1
TTCTTACTGTTGTGGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGT
>HPV39_Alpha_333245_nt6634_L1_Tile|1
ACTGTTGTGGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCC
>HPV39_Alpha_333245_nt6639_L1_Tile|1
TGTGGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACC
>HPV39_Alpha_333245_nt6644_L1_Tile|1
ACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6649_L1_Tile|1
ACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6654_L1_Tile|1
TAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCC
>HPV39_Alpha_333245_nt6664_L1_Tile|1
TTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCCTTCTAAGTTT
>HPV39_Alpha_333245_nt6674_L1_Tile|1
CTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCCTTCTAAGTTTAAGGAATATA
>HPV39_Alpha_333245_nt6679_L1_Tile|1
TCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCCTTCTAAGTTTAAGGAATATACCAGG
>HPV39_Alpha_333245_nt6764_L1_Tile|1
TTATATTTCAACTGTGTACTGTACATTAACAACCTGATGTTATGTCTTATATTACACTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6779_L1_Tile|1
GTACTGTACATTAACAACCTGATGTTATGTCTTATATTACACTATGAATTCCTCTATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6789_L1_Tile|1
ATTAACAACCTGATGTTATGTCTTATATTACACTATGAATTCCTCTATATTGGACAATTG
>HPV39_Alpha_333245_nt6844_L1_Tile|1
AATTGGAATTTTGCTGTAGCTCCTCCACCATCTGCCAGTTTGGTAGACACTTACAGATAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6849_L1_Tile|1
GAATTTTGCTGTAGCTCCTCCACCATCTGCCAGTTTGGTAGACACTTACAGATACCTACA
>HPV39_Alpha_333245_nt6854_L1_Tile|1
TTGCTGTAGCTCCTCCACCATCTGCCAGTTTGGTAGACACTTACAGATACCTACAGTCTG
>HPV39_Alpha_333245_nt6869_L1_Tile|1
CACCATCTGCCAGTTTGGTAGACACTTACAGATACCTACAGTCTGCAGCCATTACATGTC
>HPV39_Alpha_333245_nt7054_L1_Tile|1
CAGGCCAGGGTCCGCAGGCGCCCTACTATAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACT
>HPV39_Alpha_333245_nt7059_L1_Tile|1
CAGGGTCCGCAGGCGCCCTACTATAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACTTCCTC
>HPV40_Alpha_397014_nt5885_L1_Tile|1
GCTGGTAGTGCCAGTTACTGACTATAGGACATCCATACTTTGAGTTAAAAAAACCCAAT
>HPV40_Alpha_397014_nt5890_L1_Tile|1
TAGTGCCAGGTTACTGACTATAGGACATCCATACTTTGAGTTAAAAAAACCCAATGGTGA
>HPV40_Alpha_397014_nt5900_L1_Tile|1
TTACTGACTATAGGACATCCATACTTTGAGTTAAAAAAACCCAATGGTGACATTTTCAGTG
>HPV40_Alpha_397014_nt5905_L1_Tile|1
GACTATAGGACATCCATACTTTGAGTTAAAAAAACCCAATGGTGACATTTTCAGTGCCTAA

>HPV40_Alpha_397014_nt6145_L1_Tile|1
TAAGGATGAGGATGTGGAAACTCATCTGCCTATGGCACAGGTCCGGGGCAGGATAGTAG
>HPV40_Alpha_397014_nt6160_L1_Tile|1
GGAAAACTCATCTGCCTATGGCACAGGTCCGGGGCAGGATAGTAGGGAAAATGTAGCTAT
>HPV40_Alpha_397014_nt6565_L1_Tile|1
AGGTACTACTGGTGATAGTGTCCCAACTGACTTATATATAACAGGTACATCTGGTCGGAC
>HPV40_Alpha_397014_nt6575_L1_Tile|1
GGTGATAGTGTCCCAACTGACTTATATATAACAGGTACATCTGGTCGGACTCCTATTGCA
>HPV40_Alpha_397014_nt6795_L1_Tile|1
ATTTAACCTTATGTGCTGCCACACAGTCCCCACACCAACCCCATATAATAACAGTAATT
>HPV40_Alpha_397014_nt6800_L1_Tile|1
ACCTTATGTGCTGCCACACAGTCCCCACACCAACCCCATATAATAACAGTAATTTCAAG
>HPV40_Alpha_397014_nt6810_L1_Tile|1
CTGCCACACAGTCCCCACACCAACCCCATATAATAACAGTAATTTCAAGGAATATTTGC
>HPV40_Alpha_397014_nt6990_L1_Tile|1
AAATTGCTCCTCCAGCCTCTGCATCCTTAGAGGATACATATAGGTTCCCTTACCAACAAGG
>HPV40_Alpha_397014_nt6995_L1_Tile|1
GCTCCTCCAGCCTCTGCATCCTTAGAGGATACATATAGGTTCCCTTACCAACAAGGCTATT
>HPV40_Alpha_397014_nt7000_L1_Tile|1
TCCAGCCTCTGCATCCTTAGAGGATACATATAGGTTCCCTTACCAACAAGGCTATTGCCTG
>HPV40_Alpha_397014_nt7005_L1_Tile|1
CCTCTGCATCCTTAGAGGATACATATAGGTTCCCTTACCAACAAGGCTATTGCCTGTCAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt7010_L1_Tile|1
GCATCCTTAGAGGATACATATAGGTTCCCTTACCAACAAGGCTATTGCCTGTCAGCGCGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5337_L1_Tile|1
ATGACAGGCCTTCAGTATTTATTTTATAGCGATGATGGCACTCACATTGTCTATCCTACTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5342_L1_Tile|2
AGGCCTTCAGTATTTATTTTATAGCGATGATGGCACTCACATTGTCTATCCTACTAGCACA
>HPV41_Nu_9626041_nt5357_L1_Tile|1
ATTTTTAGCGATGATGGCACTCACATTGTCTATCCTACTAGCACAACAGCCACCACCCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5367_L1_Tile|1
ATGATGGCACTCACATTGTCTATCCTACTAGCACAACAGCCACCACCCCACTCGTGCCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5372_L1_Tile|1
GGCACTCACATTGTCTATCCTACTAGCACAACAGCCACCACCCCACTCGTGCCTGCACAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5397_L1_Tile|1
GCACAACAGCCACCACCCCACTCGTGCCTGCACAGCCAGCGATGTGCCCTACATTGTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5407_L1_Tile|1
CACCACCCCACTCGTGCCTGCACAGCCAGCGATGTGCCCTACATTGTTGTTGACTTGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5427_L1_Tile|1
CACAGCCAGCGATGTGCCCTACATTGTTGTTGACTTGTATAGTGGAAGTATGGATTATG
>HPV41_Nu_9626041_nt5432_L1_Tile|1
CCCAGCGATGTGCCCTACATTGTTGTTGACTTGTATAGTGGAAGTATGGATTATGATATA
>HPV41_Nu_9626041_nt5442_L1_Tile|2
TGCCCTACATTGTTGTTGACTTGTATAGTGGAAGTATGGATTATGATATACATCCTAGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt5447_L1_Tile|1
TACATTGTTGTTGACTTGTATAGTGGAAGTATGGATTATGATATACATCCTAGCCTGTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5452_L1_Tile|1
TGTTGTTGACTTGTATAGTGGAAGTATGGATTATGATATACATCCTAGCCTGTTGCGCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5467_L1_Tile|1
TAGTGGAAGTATGGATTATGATATACATCCTAGCCTGTTGCGCAGGAAACGTAAAAAACG
>HPV41_Nu_9626041_nt5472_L1_Tile|1
GAAGTATGGATTATGATATACATCCTAGCCTGTTGCGCAGGAAACGTAAAAAACGCAAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5522_L1_Tile|2
AAACGCAAACGTGTTTATTTTTCAGATGGCCGTGTGGCTTCCAGGCCCAAATAGATTTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5527_L1_Tile|1

CAAACGTGTTTATTTTTCAGATGGCCGTGTGGCTTCCAGGCCCAAATAGATTTTACTTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5537_L1_Tile|1
TATTTTTCAGATGGCCGTGTGGCTTCCAGGCCCAAATAGATTTTACTTACCCCTCAACC
>HPV41_Nu_9626041_nt5542_L1_Tile|2
TTCAGATGGCCGTGTGGCTTCCAGGCCCAAATAGATTTTACTTACCCCTCAACCTATAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5552_L1_Tile|1
CGTGTGGCTTCCAGGCCCAAATAGATTTTACTTACCCCTCAACCTATACAACGGACATT
>HPV41_Nu_9626041_nt5557_L1_Tile|1
GGCTTCCAGGCCCAAATAGATTTTACTTACCCCTCAACCTATACAACGGACATTGAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt5572_L1_Tile|1
ATAGATTTTACTTACCCCTCAACCTATACAACGGACATTGAACACAGAGGAATACGTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5577_L1_Tile|1
TTTTACTTACCCCTCAACCTATACAACGGACATTGAACACAGAGGAATACGTGAGACGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5587_L1_Tile|1
CCCCTCAACCTATACAACGGACATTGAACACAGAGGAATACGTGAGACGCACCAGTACTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5612_L1_Tile|1
GAACACAGAGGAATACGTGAGACGCACCAGTACTTTCCTCCATGCTGCCACTGACCGTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5622_L1_Tile|2
GAATACGTGAGACGCACCAGTACTTTCCTCCATGCTGCCACTGACCGTTTGCTTACTGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5642_L1_Tile|3
TACTTTCCTCCATGCTGCCACTGACCGTTTGCTTACTGTTGGACATCCATTTTACAATAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5647_L1_Tile|1
TCCTCCATGCTGCCACTGACCGTTTGCTTACTGTTGGACATCCATTTTACAATATTACTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5657_L1_Tile|1
TGCCACTGACCGTTTGCTTACTGTTGGACATCCATTTTACAATATTACTAATGCGGATGG
>HPV41_Nu_9626041_nt5662_L1_Tile|2
CTGACCGTTTGCTTACTGTTGGACATCCATTTTACAATATTACTAATGCGGATGGCAAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5672_L1_Tile|1
GCTTACTGTTGGACATCCATTTTACAATATTACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt5682_L1_Tile|2
GGACATCCATTTTACAATATTACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCCTAAAGTTTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt5687_L1_Tile|1
TCCATTTTACAATATTACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCCTAAAGTTTCCTCTAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5692_L1_Tile|1
TTTACAATATTACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCCTAAAGTTTCCTCTAATCAGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5697_L1_Tile|1
AATATTACTAATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCCTAAAGTTTCCTCTAATCAGTTCAGG
>HPV41_Nu_9626041_nt5707_L1_Tile|1
ATGCGGATGGCAAAGAGGTGGTCCCTAAAGTTTCCTCTAATCAGTTCAGGGCCTTCCGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5722_L1_Tile|2
AGGTGGTCCCTAAAGTTTCCTCTAATCAGTTCAGGGCCTTCCGTGTCCGTTTCCCAAATC
>HPV41_Nu_9626041_nt5727_L1_Tile|1
GTCCCTAAAGTTTCCTCTAATCAGTTCAGGGCCTTCCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5732_L1_Tile|1
TAAAGTTTCCTCTAATCAGTTCAGGGCCTTCCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAATACCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5737_L1_Tile|1
TTTCCTCTAATCAGTTCAGGGCCTTCCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAATACCTTTGCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5742_L1_Tile|2
TCTAATCAGTTCAGGGCCTTCCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAATACCTTTGCATTTTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5747_L1_Tile|1
TCAGTTCAGGGCCTTCCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAATACCTTTGCATTTTGTGATAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5757_L1_Tile|1
GCCTTCCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5762_L1_Tile|2
CCGTGTCCGTTTCCCAAATCCCAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTTTAACCC

>HPV41_Nu_9626041_nt5772_L1_Tile|1
TTCCCAAATCCCAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTAAACCCTGACAAGGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5777_L1_Tile|1
AAATCCCAAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTAAACCCTGACAAGGAGCGTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt5782_L1_Tile|2
CCAATACCTTTGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTAAACCCTGACAAGGAGCGTCTGGTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt5792_L1_Tile|1
TGCATTTTGTGATAAGTCCCTTTTAAACCCTGACAAGGAGCGTCTGGTCTGGGGTATTCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5852_L1_Tile|1
TGGGATTGAGGTTTCTAGGGGACAGCCCTTAGGTATTGGTGTAACAGGGAACCCTTTTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5857_L1_Tile|1
TTGAGGTTTCTAGGGGACAGCCCTTAGGTATTGGTGTAACAGGGAACCCTTTTTTTAATA
>HPV41_Nu_9626041_nt5862_L1_Tile|2
GTTTCTAGGGGACAGCCCTTAGGTATTGGTGTAACAGGGAACCCTTTTTTTAATAAGTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5882_L1_Tile|2
AGGTATTGGTGTAACAGGGAACCCTTTTTTTAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5887_L1_Tile|1
TTGGTGTAACAGGGAACCCTTTTTTTAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTACAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt5892_L1_Tile|1
GTAACAGGGAACCCTTTTTTTAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTACAATGGTATA
>HPV41_Nu_9626041_nt5897_L1_Tile|1
AGGGAACCCTTTTTTTAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTACAATGGTATAAACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5902_L1_Tile|2
ACCCTTTTTTTAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTACAATGGTATAAACAAAAATA
>HPV41_Nu_9626041_nt5907_L1_Tile|1
TTTTTTAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTACAATGGTATAAACAAAAATAACATT
>HPV41_Nu_9626041_nt5912_L1_Tile|1
TAATAAGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTACAATGGTATAAACAAAAATAACATTACTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5917_L1_Tile|1
AGTTTGATGATGCTGAAAATCCCTACAATGGTATAAACAAAAATAACATTACTGACCAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5922_L1_Tile|2
GATGATGCTGAAAATCCCTACAATGGTATAAACAAAAATAACATTACTGACCAAGGTTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5927_L1_Tile|1
TGCTGAAAATCCCTACAATGGTATAAACAAAAATAACATTACTGACCAAGGTTGAGACTC
>HPV41_Nu_9626041_nt5932_L1_Tile|1
AAAATCCCTACAATGGTATAAACAAAAATAACATTACTGACCAAGGTTGAGACTCAAGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5937_L1_Tile|1
CCCTACAATGGTATAAACAAAAATAACATTACTGACCAAGGTTGAGACTCAAGGTTGAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5942_L1_Tile|2
CAATGGTATAAACAAAAATAACATTACTGACCAAGGTTGAGACTCAAGGTTGAGCATTCG
>HPV41_Nu_9626041_nt5982_L1_Tile|2
GACTCAAGGTTGAGCATTCGATTTGACCCTAAGCAAACACAGCTGCTGATAGTAGGTGCT
>HPV41_Nu_9626041_nt5987_L1_Tile|1
AAGGTTGAGCATTCGATTTGACCCTAAGCAAACACAGCTGCTGATAGTAGGTGCTAAACC
>HPV41_Nu_9626041_nt5997_L1_Tile|1
ATTGCATTTGACCCTAAGCAAACACAGCTGCTGATAGTAGGTGCTAAACCTGCAAAGGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6002_L1_Tile|2
ATTTGACCCTAAGCAAACACAGCTGCTGATAGTAGGTGCTAAACCTGCAAAGGGTGAGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6017_L1_Tile|1
AACACAGCTGCTGATAGTAGGTGCTAAACCTGCAAAGGGTGAGTACTGGGACGTTGCTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6022_L1_Tile|2
AGCTGCTGATAGTAGGTGCTAAACCTGCAAAGGGTGAGTACTGGGACGTTGCTGCAACAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6027_L1_Tile|1
CTGATAGTAGGTGCTAAACCTGCAAAGGGTGAGTACTGGGACGTTGCTGCAACATGTGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6032_L1_Tile|1

AGTAGGTGCTAAACCTGCAAAGGGTGAGTACTGGGACGTTGCTGCAACATGTGAAAACCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6057_L1_Tile|1
GAGTACTGGGACGTTGCTGCAACATGTGAAAACCCCTCCACTGACCAAAGCAGATGACAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6077_L1_Tile|1
AACATGTGAAAACCCCTCCACTGACCAAAGCAGATGACAAATGTCCTGCTCTAGAGCTTAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6082_L1_Tile|2
GTGAAAACCCCTCCACTGACCAAAGCAGATGACAAATGTCCTGCTCTAGAGCTTAAGTCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6087_L1_Tile|1
AACCCCTCCACTGACCAAAGCAGATGACAAATGTCCTGCTCTAGAGCTTAAGTCCTCATAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6092_L1_Tile|1
TCCACTGACCAAAGCAGATGACAAATGTCCTGCTCTAGAGCTTAAGTCCTCATACATTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6102_L1_Tile|2
AAAGCAGATGACAAATGTCCTGCTCTAGAGCTTAAGTCCTCATACATTGAGGATGCAGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6112_L1_Tile|1
ACAAATGTCCTGCTCTAGAGCTTAAGTCCTCATACATTGAGGATGCAGACATGAGTGACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6122_L1_Tile|2
TGCTCTAGAGCTTAAGTCCTCATACATTGAGGATGCAGACATGAGTGACATAGGCCTGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt6127_L1_Tile|1
TAGAGCTTAAGTCCTCATACATTGAGGATGCAGACATGAGTGACATAGGCCTGGGAAACT
>HPV41_Nu_9626041_nt6132_L1_Tile|1
CTTAAGTCCTCATACATTGAGGATGCAGACATGAGTGACATAGGCCTGGGAAACTTGAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6137_L1_Tile|1
GTCCTCATACATTGAGGATGCAGACATGAGTGACATAGGCCTGGGAAACTTGAATTTTTTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6147_L1_Tile|1
ATTGAGGATGCAGACATGAGTGACATAGGCCTGGGAAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6152_L1_Tile|1
GGATGCAGACATGAGTGACATAGGCCTGGGAAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6157_L1_Tile|1
CAGACATGAGTGACATAGGCCTGGGAAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6162_L1_Tile|2
ATGAGTGACATAGGCCTGGGAAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6167_L1_Tile|1
TGACATAGGCCTGGGAAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6172_L1_Tile|1
TAGGCCTGGGAAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6177_L1_Tile|1
CTGGGAAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATT
>HPV41_Nu_9626041_nt6182_L1_Tile|2
AAACTTGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATTGTGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6187_L1_Tile|1
TGAATTTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATTGTGGATTCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6192_L1_Tile|1
TTTTTCTACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATTGTGGATTCTATCTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6197_L1_Tile|1
TACACTGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATTGTGGATTCTATCTGCAAATA
>HPV41_Nu_9626041_nt6202_L1_Tile|2
TGCAGAGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATTGTGGATTCTATCTGCAAATATCCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6207_L1_Tile|1
AGAAACAAATCCGATGCCCCATTAGATATTGTGGATTCTATCTGCAAATATCCTGACTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6257_L1_Tile|1
TCCTGACTACCTGCAAATGATAGAAGAACTATATGGAGACCACATGTTTTTCTATGTGCG
>HPV41_Nu_9626041_nt6267_L1_Tile|1
CTGCAAATGATAGAAGAACTATATGGAGACCACATGTTTTTCTATGTGCGGCGTGAAGCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6272_L1_Tile|1
AATGATAGAAGAACTATATGGAGACCACATGTTTTTCTATGTGCGGCGTGAAGCTCTGTA

>HPV41_Nu_9626041_nt6277_L1_Tile|1
TAGAAGAACTATATGGAGACCACATGTTTTTCTATGTGCGGCGTGAAGCTCTGTATGCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6282_L1_Tile|2
GAACTATATGGAGACCACATGTTTTTCTATGTGCGGCGTGAAGCTCTGTATGCTAGGCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6287_L1_Tile|1
ATATGGAGACCACATGTTTTTCTATGTGCGGCGTGAAGCTCTGTATGCTAGGCATATAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6302_L1_Tile|2
GTTTTTCTATGTGCGGCGTGAAGCTCTGTATGCTAGGCATATAATGCAACACGCGGGCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6307_L1_Tile|1
TCTATGTGCGGCGTGAAGCTCTGTATGCTAGGCATATAATGCAACACGCGGGCAAGATGG
>HPV41_Nu_9626041_nt6317_L1_Tile|1
GCGTGAAGCTCTGTATGCTAGGCATATAATGCAACACGCGGGCAAGATGGATGCTGAGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6322_L1_Tile|2
AAGCTCTGTATGCTAGGCATATAATGCAACACGCGGGCAAGATGGATGCTGAGCAATTTTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6327_L1_Tile|1
CTGTATGCTAGGCATATAATGCAACACGCGGGCAAGATGGATGCTGAGCAATTTCCCACT
>HPV41_Nu_9626041_nt6332_L1_Tile|1
TGCTAGGCATATAATGCAACACGCGGGCAAGATGGATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6337_L1_Tile|1
GGCATATAATGCAACACGCGGGCAAGATGGATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6342_L1_Tile|2
ATAATGCAACACGCGGGCAAGATGGATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACATAGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6352_L1_Tile|1
ACGCGGGCAAGATGGATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6357_L1_Tile|1
GGCAAGATGGATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6362_L1_Tile|2
GATGGATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6367_L1_Tile|1
ATGCTGAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAAATTAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6372_L1_Tile|1
GAGCAATTTCCCACTTCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAAATTAAATTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6377_L1_Tile|1
ATTTCCCACTTCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAAATTAAATTCCTTGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6387_L1_Tile|1
TCTCTGTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAAATTAAATTCCTTGCAGCGCACTGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6392_L1_Tile|1
GTACATAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAAATTAAATTCCTTGCAGCGCACTGATAGGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6397_L1_Tile|1
TAGACTCCTCTGTAGAAGGTGAGAAATTAAATTCCTTGCAGCGCACTGATAGGTATTTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6402_L1_Tile|2
TCCTCTGTAGAAGGTGAGAAATTAAATTCCTTGCAGCGCACTGATAGGTATTTTCATGACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6407_L1_Tile|1
TGTAGAAGGTGAGAAATTAAATTCCTTGCAGCGCACTGATAGGTATTTTCATGACACCCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6417_L1_Tile|1
GAGAAATTAAATTCCTTGCAGCGCACTGATAGGTATTTTCATGACACCCAGCGGCTCCCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6422_L1_Tile|2
ATTAAATTCCTTGCAGCGCACTGATAGGTATTTTCATGACACCCAGCGGCTCCCTGGTAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6427_L1_Tile|1
ATTCCTTGCAGCGCACTGATAGGTATTTTCATGACACCCAGCGGCTCCCTGGTAGCTACTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6447_L1_Tile|1
AGGTATTTTCATGACACCCAGCGGCTCCCTGGTAGCTACTGAGCAGCAGCTGTTTAAACAGG
>HPV41_Nu_9626041_nt6457_L1_Tile|1
TGACACCCAGCGGCTCCCTGGTAGCTACTGAGCAGCAGCTGTTTAAACAGGCCCTTTTGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6517_L1_Tile|1

TGCAGAGATCCCAGGGCCATAACAATGGCATACTGTGGCACAACGAGGCCTTTGTAACAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6522_L1_Tile|2
AGATCCCAGGGCCATAACAATGGCATACTGTGGCACAACGAGGCCTTTGTAACATTGGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6547_L1_Tile|1
TACTGTGGCACAACGAGGCCTTTGTAACATTGGTTGACACTACCAGGGGAACATACTTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6552_L1_Tile|1
TGGCACAACGAGGCCTTTGTAACATTGGTTGACACTACCAGGGGAACATACTTTACCATC
>HPV41_Nu_9626041_nt6557_L1_Tile|1
CAACGAGGCCTTTGTAACATTGGTTGACACTACCAGGGGAACATACTTTACCATCAGTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6567_L1_Tile|1
TTTGTAACATTGGTTGACACTACCAGGGGAACATACTTTACCATCAGTGTTCCTGAGGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt6577_L1_Tile|1
TGGTTGACACTACCAGGGGAACATACTTTACCATCAGTGTTCCTGAGGGGGATGCTTCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6582_L1_Tile|2
GACACTACCAGGGGAACATACTTTACCATCAGTGTTCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6587_L1_Tile|1
TACCAGGGGAACATACTTTACCATCAGTGTTCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATATAACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6592_L1_Tile|1
GGGGAACTAACTTTACCATCAGTGTTCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATATAACAATTCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6597_L1_Tile|1
ACTAACTTTACCATCAGTGTTCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATATAACAATTCTAAGTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6602_L1_Tile|2
CTTTACCATCAGTGTTCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATATAACAATTCTAAGTTTTTTTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6607_L1_Tile|1
CCATCAGTGTTCCTGAGGGGGATGCTTCTTCATATAACAATTCTAAGTTTTTTTGAGTTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6627_L1_Tile|1
GATGCTTCTTCATATAACAATTCTAAGTTTTTTTGAGTTTTTTAAGGCACACCGAGGAGTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6632_L1_Tile|1
TTCTTCATATAACAATTCTAAGTTTTTTTGAGTTTTTTAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6637_L1_Tile|1
CATATAACAATTCTAAGTTTTTTTGAGTTTTTTAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6642_L1_Tile|2
AACAATTCTAAGTTTTTTTGAGTTTTTTAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCTTTATT
>HPV41_Nu_9626041_nt6657_L1_Tile|1
TTTGAGTTTTTTAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6662_L1_Tile|2
GTTTTTTAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6667_L1_Tile|1
TAAGGCACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGACCTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6672_L1_Tile|1
CACACCGAGGAGTTTCAGCTTGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGACCTTACCCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6677_L1_Tile|1
CGAGGAGTTTCAGCTTGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGACCTTACCCCTGAGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6687_L1_Tile|1
CAGCTTGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGACCTTACCCCTGAGAATTTGGCTTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6692_L1_Tile|1
TGCCTTTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGACCTTACCCCTGAGAATTTGGCTTACATACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6697_L1_Tile|1
TTATTCTACAGCTGTGTAAGGTAGACCTTACCCCTGAGAATTTGGCTTACATACACACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6702_L1_Tile|2
CTACAGCTGTGTAAGGTAGACCTTACCCCTGAGAATTTGGCTTACATACACACAATGGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6707_L1_Tile|1
GCTGTGTAAGGTAGACCTTACCCCTGAGAATTTGGCTTACATACACACAATGGATCCATC
>HPV41_Nu_9626041_nt6712_L1_Tile|1
GTAAGGTAGACCTTACCCCTGAGAATTTGGCTTACATACACACAATGGATCCATCCATTA

>HPV41_Nu_9626041_nt6722_L1_Tile|2
CCTTACCCCTGAGAATTTGGCTTACATACACACAATGGATCCATCCATTATTGAAGACTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6732_L1_Tile|1
GAGAATTTGGCTTACATACACACAATGGATCCATCCATTATTGAAGACTGGCATTTAGCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6742_L1_Tile|2
CTTACATACACACAATGGATCCATCCATTATTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACCTTCAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6747_L1_Tile|1
ATACACACAATGGATCCATCCATTATTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACCTTCACCTCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6752_L1_Tile|1
CACAATGGATCCATCCATTATTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6757_L1_Tile|1
TGGATCCATCCATTATTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6762_L1_Tile|2
CCATCCATTATTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6767_L1_Tile|1
CATTATTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6772_L1_Tile|1
TTGAAGACTGGCATTTAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATA
>HPV41_Nu_9626041_nt6777_L1_Tile|1
GACTGGCATTAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6782_L1_Tile|2
GCATTTAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACT
>HPV41_Nu_9626041_nt6787_L1_Tile|1
TAGCTGTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACTGTCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6792_L1_Tile|1
GTCACCTTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACTGTCCATTGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6797_L1_Tile|1
TTCACCTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACTGTCCATTGCAACTAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6802_L1_Tile|2
CTCCCAATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACTGTCCATTGCAACTAAATGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6807_L1_Tile|1
AATTCTGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACTGTCCATTGCAACTAAATGTCCCTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6812_L1_Tile|1
TGTACTGGAGGATCATTATAGGTACATACTGTCCATTGCAACTAAATGTCCCTCTAAGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6822_L1_Tile|2
GATCATTATAGGTACATACTGTCCATTGCAACTAAATGTCCCTCTAAGGATGCAGATGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6832_L1_Tile|1
GGTACATACTGTCCATTGCAACTAAATGTCCCTCTAAGGATGCAGATGATACCTCCACTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6837_L1_Tile|1
ATACTGTCCATTGCAACTAAATGTCCCTCTAAGGATGCAGATGATACCTCCACTGACCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6872_L1_Tile|1
TGCAGATGATACCTCCACTGACCCATACAAAGATCTTAAGTTTTGGGAGGTTGATCTACG
>HPV41_Nu_9626041_nt6877_L1_Tile|1
ATGATACCTCCACTGACCCATACAAAGATCTTAAGTTTTGGGAGGTTGATCTACGGGATC
>HPV41_Nu_9626041_nt6887_L1_Tile|1
CACTGACCCATACAAAGATCTTAAGTTTTGGGAGGTTGATCTACGGGATCGTATGACAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6927_L1_Tile|1
CTACGGGATCGTATGACAGAGCAATTGGACCAGACTCCCCTTGGCAGGAAGTTTTTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6932_L1_Tile|1
GGATCGTATGACAGAGCAATTGGACCAGACTCCCCTTGGCAGGAAGTTTTTGTTCAAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6942_L1_Tile|2
ACAGAGCAATTGGACCAGACTCCCCTTGGCAGGAAGTTTTTGTTCAAACTGGTATCACT
>HPV41_Nu_9626041_nt6947_L1_Tile|1
GCAATTGGACCAGACTCCCCTTGGCAGGAAGTTTTTGTTCAAACTGGTATCACTCAGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6952_L1_Tile|1

TGGACCAGACTCCCCTTGGCAGGAAGTTTTGTTTCAAACCTGGTATCACTCAGTCATCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6962_L1_Tile|2
TCCCCTTGGCAGGAAGTTTTGTTTCAAACCTGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCG
>HPV41_Nu_9626041_nt6967_L1_Tile|1
TTGGCAGGAAGTTTTGTTTCAAACCTGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCGGGTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6972_L1_Tile|1
AGGAAGTTTTGTTTCAAACCTGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCGGGTGTCCACG
>HPV41_Nu_9626041_nt6977_L1_Tile|1
GTTTTTGTTCCAAACCTGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCGGGTGTCCACGCAGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6982_L1_Tile|2
TGTTTCAAACCTGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCGGGTGTCCACGCAGTCTACTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6987_L1_Tile|1
CAAACCTGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCGGGTGTCCACGCAGTCTACTGCCCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6992_L1_Tile|1
TGGTATCACTCAGTCATCATCAAATAAGCGGGTGTCCACGCAGTCTACTGCCCTTACTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6997_L1_Tile|1
TCACTCAGTCATCATCAAATAAGCGGGTGTCCACGCAGTCTACTGCCCTTACTACCTACA
>HPV41_Nu_9626041_nt7012_L1_Tile|1
CAAATAAGCGGGTGTCCACGCAGTCTACTGCCCTTACTACCTACAGGCGGCCTACTAAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt7022_L1_Tile|2
GGTGTCCACGCAGTCTACTGCCCTTACTACCTACAGGCGGCCTACTAAGCGCCGCCGGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt7029_L1_Tile|1
ACGCAGTCTACTGCCCTTACTACCTACAGGCGGCCTACTAAGCGCCGCCGGAAAGGCTTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5942_L1_Tile|2
CCATGCCAGCAGTTCTAGGCTATTGGTTGTTGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAG
>HPV42_Alpha_333211_nt5947_L1_Tile|1
CCAGCAGTTCTAGGCTATTGGTTGTTGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5952_L1_Tile|1
AGTTCTAGGCTATTGGTTGTTGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAG
>HPV42_Alpha_333211_nt5957_L1_Tile|1
TAGGCTATTGGTTGTTGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAGACATC
>HPV42_Alpha_333211_nt5962_L1_Tile|2
TATTGGTTGTTGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAGACATCTATCC
>HPV42_Alpha_333211_nt5967_L1_Tile|1
GTTGTTGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAGACATCTATCCCCAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5972_L1_Tile|1
TGGTCACCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTC
>HPV42_Alpha_333211_nt5977_L1_Tile|1
ACCCTTATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTCTGGTT
>HPV42_Alpha_333211_nt5982_L1_Tile|2
TATTACTCTATTACAAAAAGGCCAAATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTCTGGTTTACAG
>HPV42_Alpha_333211_nt5992_L1_Tile|1
TTACAAAAAGGCCAAATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTCTGGTTTACAGTACAGAGTAT
>HPV42_Alpha_333211_nt5997_L1_Tile|1
AAAAGGCCAAATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTCTGGTTTACAGTACAGAGTATTTAGA
>HPV42_Alpha_333211_nt6002_L1_Tile|2
GCCAAATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTCTGGTTTACAGTACAGAGTATTTAGAGTTAG
>HPV42_Alpha_333211_nt6007_L1_Tile|1
ATAAGACATCTATCCCCAAAGTGTCTGGTTTACAGTACAGAGTATTTAGAGTTAGGCTCC
>HPV42_Alpha_333211_nt6052_L1_Tile|1
TTAGAGTTAGGCTCCCTGATCCTAATAAGTTTACATTGCCTGAAACTAATTTATATAACC
>HPV42_Alpha_333211_nt6217_L1_Tile|1
ATACTGAAAAATGCGCCTACATATGGTGGAGGCCCTGGTACAGACAATAGGGAAAAATGTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt6222_L1_Tile|2
GAAAAATGCGCCTACATATGGTGGAGGCCCTGGTACAGACAATAGGGAAAAATGTTTCTATG

>HPV42_Alpha_333211_nt6347_L1_Tile|1
AGGTACTGCCTGTACACCACAGTCCAATGGTGACTGCCCACCATTAGAATTAAAAAATAG
>HPV42_Alpha_333211_nt6352_L1_Tile|1
CTGCCTGTACACCACAGTCCAATGGTGACTGCCCACCATTAGAATTAAAAAATAGTTTTA
>HPV42_Alpha_333211_nt6357_L1_Tile|1
TGTACACCACAGTCCAATGGTGACTGCCCACCATTAGAATTAAAAAATAGTTTTATTTCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt6422_L1_Tile|2
GGATATGGTGGATGTAGGGTTTGGGGCACTAGATTTTGGTGCTTTACAATCCTCCAAAGC
>HPV42_Alpha_333211_nt6442_L1_Tile|2
TTGGGGCACTAGATTTTGGTGCTTTACAATCCTCCAAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTG
>HPV42_Alpha_333211_nt6447_L1_Tile|1
GCACTAGATTTTGGTGCTTTACAATCCTCCAAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTGTAAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6452_L1_Tile|1
AGATTTTGGTGCTTTACAATCCTCCAAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTGTAAATTCAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6457_L1_Tile|1
TTGGTGCTTTACAATCCTCCAAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTGTAAATTCAATTACTA
>HPV42_Alpha_333211_nt6462_L1_Tile|2
GCTTTACAATCCTCCAAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTGTAAATTCAATTACTAAATAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6467_L1_Tile|1
ACAATCCTCCAAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTGTAAATTCAATTACTAAATATCCTGA
>HPV42_Alpha_333211_nt6472_L1_Tile|1
CCTCCAAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTGTAAATTCAATTACTAAATATCCTGATTACT
>HPV42_Alpha_333211_nt6477_L1_Tile|1
AAAGCTGAGGTACCTTTGGATATTGTAAATTCAATTACTAAATATCCTGATTACTTAAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt6612_L1_Tile|1
AATAGGGCTGGCGCAATTGGTGAACCTGTACCTGATGAACGTATACCAAGGCTGCTAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6622_L1_Tile|2
GCGCAATTGGTGAACCTGTACCTGATGAACGTATACCAAGGCTGCTAATAATGCATCTG
>HPV42_Alpha_333211_nt6632_L1_Tile|1
TGAACCTGTACCTGATGAACGTATACCAAGGCTGCTAATAATGCATCTGGCAGACATAA
>HPV42_Alpha_333211_nt6642_L1_Tile|2
CCTGATGAACGTATACCAAGGCTGCTAATAATGCATCTGGCAGACATAATTTAGGTAGT
>HPV42_Alpha_333211_nt6647_L1_Tile|1
TGAACGTATACCAAGGCTGCTAATAATGCATCTGGCAGACATAATTTAGGTAGTAGTAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6852_L1_Tile|1
AGTACTAACATGACTTTGTGTGCCACTGCAACATCTGGTGATACATATACAGCTGCTAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6857_L1_Tile|1
TAACATGACTTTGTGTGCCACTGCAACATCTGGTGATACATATACAGCTGCTAATTTTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt6862_L1_Tile|2
TGACTTTGTGTGCCACTGCAACATCTGGTGATACATATACAGCTGCTAATTTTAAGGAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6877_L1_Tile|1
CTGCAACATCTGGTGATACATATACAGCTGCTAATTTTAAGGAATATTTAAGACATGCTG
>HPV42_Alpha_333211_nt6972_L1_Tile|1
AAAATAACATTAACCTGTTGAAGTTATGTCATATATACACAATATGAATCCTAACATATTA
>HPV42_Alpha_333211_nt7057_L1_Tile|1
CACCACCTTCAGGAACCTTTAGAAGATAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTCGCT
>HPV42_Alpha_333211_nt7062_L1_Tile|2
CCTTCAGGAACCTTTAGAAGATAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTCGCTGTCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt7067_L1_Tile|1
AGGAACCTTTAGAAGATAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTCGCTGTCAGGCTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt7072_L1_Tile|1
CTTTAGAAGATAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTCGCTGTCAGGCTAAGGTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt7077_L1_Tile|1
GAAGATAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTCGCTGTCAGGCTAAGGTAACAACG
>HPV42_Alpha_333211_nt7082_L1_Tile|2

TAGTTATAGGTATGTACAATCAGAAGCTATTCGCTGTCAGGCTAAGGTAACAACGCCAGA
>HPV42_Alpha_333211_nt7097_L1_Tile|1
ACAATCAGAAGCTATTCGCTGTCAGGCTAAGGTAACAACGCCAGAAAAAAGGATCCTTA
>HPV42_Alpha_333211_nt7102_L1_Tile|2
CAGAAGCTATTCGCTGTCAGGCTAAGGTAACAACGCCAGAAAAAAGGATCCTTATTCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt7107_L1_Tile|1
GCTATTCGCTGTCAGGCTAAGGTAACAACGCCAGAAAAAAGGATCCTTATTCAGACTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt7247_L1_Tile|1
GGCCGGGTTGCGTGCAAGGCCTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt7252_L1_Tile|1
GGTTGCGTGCAAGGCCTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTG
>HPV42_Alpha_333211_nt7257_L1_Tile|1
CGTGCAAGGCCCTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCT
>HPV42_Alpha_333211_nt7262_L1_Tile|2
AAGGCCTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCTTCAGC
>HPV42_Alpha_333211_nt7267_L1_Tile|1
CTAAACTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCTTCAGCTAAAC
>HPV42_Alpha_333211_nt7272_L1_Tile|1
CTGTCTGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCTTCAGCTAAACGTAAG
>HPV42_Alpha_333211_nt7277_L1_Tile|1
TGTAGGTAAACGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCTTCAGCTAAACGTAAGAAAAC
>HPV42_Alpha_333211_nt7287_L1_Tile|1
CGAAAGGCGTCTACAGCTAAATCTGTTTCTTCAGCTAAACGTAAGAAAACACACAAATAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt5863_L1_Tile|1
GCTGGCAGTTTCACGTTTGCTTGCAAGTGGGTCACCCATATTTCCCCCTTAAAAATTCCTCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5868_L1_Tile|1
CAGTTCACGTTTGCTTGCAAGTGGGTCACCCATATTTCCCCCTTAAAAATTCCTCTGGTAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5873_L1_Tile|1
CACGTTTGCTTGCAAGTGGGTCACCCATATTTCCCCCTTAAAAATTCCTCTGGTAAATAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5878_L1_Tile|1
TTGCTTGCAAGTGGGTCACCCATATTTCCCCCTTAAAAATTCCTCTGGTAAATAACTGTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5883_L1_Tile|1
TGCAGTGGGTCACCCATATTTCCCCCTTAAAAATTCCTCTGGTAAATAACTGTACCTAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5893_L1_Tile|1
CACCCATATTTCCCCCTTAAAAATTCCTCTGGTAAATAACTGTACCTAAGGTTTCTGGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5898_L1_Tile|1
ATATTTCCCCCTTAAAAATTCCTCTGGTAAATAACTGTACCTAAGGTTTCTGGTTATCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6518_L1_Tile|1
TCCTTAGACATTTTTTTAATAAAGCTGGTAAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6528_L1_Tile|1
TTTTTTTAAATAAAGCTGGTAAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6533_L1_Tile|1
TTAATAAAGCTGGTAAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6538_L1_Tile|1
AAAGCTGGTAAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6543_L1_Tile|1
TGGTAAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6548_L1_Tile|1
AAACTGGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6553_L1_Tile|1
GGCGACGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6558_L1_Tile|1
CGTTGTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6563_L1_Tile|1
TGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATAT

>HPV43_Alpha_40804474_nt6568_L1_Tile|1
TCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6573_L1_Tile|1
TATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6578_L1_Tile|1
ATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTACACCCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6583_L1_Tile|1
GCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTACACCCAGTGGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6588_L1_Tile|1
CTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTACACCCAGTGGGTCTTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6593_L1_Tile|1
ATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTACACCCAGTGGGTCTTTGGTTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6598_L1_Tile|1
AGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTACACCCAGTGGGTCTTTGGTTACTTCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6753_L1_Tile|1
AGATACTACTCGTAGTACAACTTAACGTTATGTGCCTCTACTGACCCTACTGTGCCAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6788_L1_Tile|1
CCTCTACTGACCCTACTGTGCCAGTACATATGACAATGCAAAGTTTAAGGAATACCTGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6888_L1_Tile|1
ATGCATAATAACGCTAAACCCAGAGGTTATGACATATATTCATACTATGGATCCCACATT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6893_L1_Tile|1
TAATAACGCTAAACCCAGAGGTTATGACATATATTCATACTATGGATCCCACATTATTAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6973_L1_Tile|1
TCCCCACCTGCCTCTGCTTCTTTGGAAGATACCTTATCGCTTTTTTGCTAACAAGGCCATT
>HPV43_Alpha_40804474_nt7068_L1_Tile|1
GGATCCCTATAAAAAGTATACATTTTGGGATATAAATCTTACAGAAAAGTTTTCTGCACA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7193_L1_Tile|1
TAAAAACTGTAAAGCGTTCTGCACCATCCTCCTCTACGTCTGCCCCTGCCTCTAAACGCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7203_L1_Tile|1
AAAGCGTTCTGCACCATCCTCCTCTACGTCTGCCCCTGCCTCTAAACGCAAAAAAACTAA
>HPV44_Alpha_1020242_nt6475_L1_Tile|1
GCTGGAACAGTTGGTGAGGACGTTTCCCAGGATCTGGTTATTAAAAGTGCTAGTAAAAAT
>HPV44_Alpha_1020242_nt6480_L1_Tile|1
AACAGTTGGTGAGGACGTTTCCCAGGATCTGGTTATTAAAAGTGCTAGTAAAAATACTGT
>HPV44_Alpha_1020242_nt6720_L1_Tile|1
TGCCACTACACAGTCCCCTCCGTCTACATATACTAGTGAACAATATAAGCAATACATGCG
>HPV45_Alpha_397022_nt5731_L1_Tile|1
ATTATTAACTGTAGGCAATCCATATTTTAGGGTTGTACCTAATGGTGCAGGTAATAAACA
>HPV45_Alpha_397022_nt5736_L1_Tile|1
TAACTGTAGGCAATCCATATTTTAGGGTTGTACCTAATGGTGCAGGTAATAAACAGGCTG
>HPV45_Alpha_397022_nt5751_L1_Tile|1
CATATTTTAGGGTTGTACCTAATGGTGCAGGTAATAAACAGGCTGTTCCCTAAGGTATCCG
>HPV45_Alpha_397022_nt5756_L1_Tile|1
TTTAGGGTTGTACCTAATGGTGCAGGTAATAAACAGGCTGTTCCCTAAGGTATCCGCATAT
>HPV45_Alpha_397022_nt5761_L1_Tile|1
GGTTGTACCTAATGGTGCAGGTAATAAACAGGCTGTTCCCTAAGGTATCCGCATATCAGTA
>HPV45_Alpha_397022_nt5971_L1_Tile|1
TCCATTTTATAATAAATTGGATGATACAGAAAGTGCTCATGCAGCTACAGCTGTTATTAC
>HPV45_Alpha_397022_nt6136_L1_Tile|1
TAAACCTGCACAATTGCAACCTGGTGACTGTCCTCCTTTGGAACCTAAAAACACCATTAT
>HPV45_Alpha_397022_nt6416_L1_Tile|1
GACACAGTACCTACGGACCTATATATTAAAGGCACTAGCGCTAATATGCGTGAAACCCCT
>HPV45_Alpha_397022_nt6426_L1_Tile|1
CTACGGACCTATATATTAAAGGCACTAGCGCTAATATGCGTGAAACCCCTGGCAGTTGTG
>HPV45_Alpha_397022_nt6936_L1_Tile|1

ATCCATATGATAAATTAAAGTTTTGGACTGTTGACCTAAAGGAAAAATTTTCCTCCGATT
>HPV45_Alpha_397022_nt6941_L1_Tile|1
TATGATAAATTAAAGTTTTGGACTGTTGACCTAAAGGAAAAATTTTCCTCCGATTTGGAT
>HPV45_Alpha_397022_nt6946_L1_Tile|1
TAAATTAAAGTTTTGGACTGTTGACCTAAAGGAAAAATTTTCCTCCGATTTGGATCAATA
>HPV45_Alpha_397022_nt7056_L1_Tile|1
CCATAGGACCTCGTAAGCGTCCTGCTGCTTCCACGTCTACTGCATCTACTGCATCTAGGC
>HPV45_Alpha_397022_nt7091_L1_Tile|1
TCTACTGCATCTACTGCATCTAGGCCTGCCAAACGTGTACGTATACGTAGTAAGAAATAA
>HPV47_Beta_333062_nt6269_L1_Tile|1
ATATTTTAAATAAGGTAAAAGATACAGAAAACAGTAATTCCTATATCACAAACTCAAAAGA
>HPV47_Beta_333062_nt6289_L1_Tile|1
ATACAGAAAACAGTAATTCCTATATCACAAACTCAAAAGATGACAGACAAGACACCTCTT
>HPV47_Beta_333062_nt6294_L1_Tile|1
GAAAACAGTAATTCCTATATCACAAACTCAAAAGATGACAGACAAGACACCTCTTTTGAT
>HPV47_Beta_333062_nt6729_L1_Tile|1
AATGGTAATATGAAAAATCAATTTTACATTCCTGGTGCTACGGGTCAGGCTCAGAGCACT
>HPV47_Beta_333062_nt6934_L1_Tile|1
TAGACAACACAAGAAATACAAATTTACAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAA
>HPV47_Beta_333062_nt6939_L1_Tile|1
AACACAAGAAATACAAATTTACAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGAT
>HPV47_Beta_333062_nt6944_L1_Tile|1
AAGAAATACAAATTTACAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACA
>HPV47_Beta_333062_nt6949_L1_Tile|1
ATACAAATTTACAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATT
>HPV47_Beta_333062_nt6954_L1_Tile|1
AATTTACAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAAT
>HPV47_Beta_333062_nt6964_L1_Tile|1
TCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAATT
>HPV47_Beta_333062_nt6969_L1_Tile|1
GTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAATTTTAGA
>HPV47_Beta_333062_nt6974_L1_Tile|1
CTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAATTTTAGAGAGTA
>HPV47_Beta_333062_nt6984_L1_Tile|1
GGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAATTTTAGAGAGTATCAAAGACAT
>HPV47_Beta_333062_nt7164_L1_Tile|1
GTGCCTACTCCAGACAACCCTATTACAGGATACATATAGATATCTAGAATCTTTGGCCACT
>HPV47_Beta_333062_nt7179_L1_Tile|1
AACCCTATTACAGGATACATATAGATATCTAGAATCTTTGGCCACTAGGTGTCCTGAAAAG
>HPV47_Beta_333062_nt7184_L1_Tile|1
TATTACAGGATACATATAGATATCTAGAATCTTTGGCCACTAGGTGTCCTGAAAAGTCTCC
>HPV47_Beta_333062_nt7189_L1_Tile|1
AGGATACATATAGATATCTAGAATCTTTGGCCACTAGGTGTCCTGAAAAGTCTCCTCCAA
>HPV47_Beta_333062_nt7204_L1_Tile|1
ATCTAGAATCTTTGGCCACTAGGTGTCCTGAAAAGTCTCCTCCAAAAGAGAAGGTTGACC
>HPV47_Beta_333062_nt7214_L1_Tile|1
TTTGGCCACTAGGTGTCCTGAAAAGTCTCCTCCAAAAGAGAAGGTTGACCCCTACAAAGG
>HPV47_Beta_333062_nt7224_L1_Tile|1
AGGTGTCCTGAAAAGTCTCCTCCAAAAGAGAAGGTTGACCCCTACAAAGGTTTAACTTT
>HPV47_Beta_333062_nt7264_L1_Tile|1
CCTACAAAGGTTTAACTTTTGGGATGTCGATATGACAGAGCGCCTTTCCCTGGATTTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5248_L1_Tile|1
AGTGCACCAGTAGCTCGTGTGTTGCGCACTGATGAATACGTGCAAGAAACGGATGTATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5253_L1_Tile|1
ACCAGTAGCTCGTGTGTTGCGCACTGATGAATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTTA

>HPV48_Gamma_9628542_nt5258_L1_Tile|1
TAGCTCGTGTTGCGCACTGATGAATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTATACAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5263_L1_Tile|1
CGTGTTGCGCACTGATGAATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTATACAAGCACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5273_L1_Tile|1
GCACTGATGAATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5278_L1_Tile|1
GATGAATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5283_L1_Tile|1
ATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5288_L1_Tile|1
TGCAAGAAACGGATGTATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5293_L1_Tile|1
GAAACGGATGTATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5298_L1_Tile|1
GGATGTATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5303_L1_Tile|1
TATATTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5308_L1_Tile|1
TTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5313_L1_Tile|1
TACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5318_L1_Tile|1
GCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5323_L1_Tile|1
GAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5328_L1_Tile|1
ACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5333_L1_Tile|1
TAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACCTAAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5338_L1_Tile|1
GTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACCTAAAGTTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5343_L1_Tile|1
TAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACCTAAAGTTTCTGCTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5348_L1_Tile|1
CTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACCTAAAGTTTCTGCTAATCAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5353_L1_Tile|1
TTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACCTAAAGTTTCTGCTAATCAATACCGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5373_L1_Tile|1
CACTATAACAGTACCTAAAGTTTCTGCTAATCAATACCGAGTATTTAGATGTAAACTTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5408_L1_Tile|1
ACCGAGTATTTAGATGTAAACTTCCAGATCCTAACAAAGTTTGCTCTAGTTGATAAAAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5418_L1_Tile|1
TAGATGTAAACTTCCAGATCCTAACAAAGTTTGCTCTAGTTGATAAAAATTTATATAATTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5453_L1_Tile|1
TAGTTGATAAAAATTTATATAATTCAGATAAGGAACGTTTAGTTTGGAAACTTGTTGGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5458_L1_Tile|1
GATAAAAATTTATATAATTCAGATAAGGAACGTTTAGTTTGGAAACTTGTTGGTTTGGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5463_L1_Tile|1
AAATTTATATAATTCAGATAAGGAACGTTTAGTTTGGAAACTTGTTGGTTTGGAAAGTAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5483_L1_Tile|1
AGGAACGTTTAGTTTGGAAACTTGTTGGTTTGGAAAGTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5488_L1_Tile|1
CGTTTAGTTTGGAAACTTGTTGGTTTGGAAAGTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5493_L1_Tile|1

AGTTTGGAAACTTGTGGTTTGGGAAGTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGATCTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5498_L1_Tile|1
GGAAACTTGTGGTTTGGGAAGTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5503_L1_Tile|1
CTTGTGGTTTGGGAAGTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5508_L1_Tile|1
TGGTTTGGGAAGTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCTTTACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5513_L1_Tile|1
TGGAAGTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCTTTACTAAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5518_L1_Tile|1
GTAGGCAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCTTTACTAAATAAGATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5523_L1_Tile|1
CAGAGGGGGTCCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCTTTACTAAATAAGATAGGGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5588_L1_Tile|1
AAAATCCTAGCTTTTATTTAGGAGAACAAACAAAGGATGAGAGACAAAATGTTTCCATGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5603_L1_Tile|1
ATTTAGGAGAACAAACAAAGGATGAGAGACAAAATGTTTCCATGGATCCTAAGCAGAGTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5613_L1_Tile|1
ACAAACAAAGGATGAGAGACAAAATGTTTCCATGGATCCTAAGCAGAGTCAGATACTAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5638_L1_Tile|1
GTTTCCATGGATCCTAAGCAGAGTCAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5643_L1_Tile|1
CATGGATCCTAAGCAGAGTCAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5648_L1_Tile|1
ATCCTAAGCAGAGTCAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAATACTGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5653_L1_Tile|1
AAGCAGAGTCAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAATACTGGGATTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5658_L1_Tile|1
GAGTCAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAATACTGGGATTTAGCTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5663_L1_Tile|1
AGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAATACTGGGATTTAGCTAAACCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5673_L1_Tile|1
AGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAATACTGGGATTTAGCTAAACCATGCAATGATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5698_L1_Tile|1
GAATACTGGGATTTAGCTAAACCATGCAATGATTTGGAAAACGGGGCTGCACCACCAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5703_L1_Tile|1
CTGGGATTTAGCTAAACCATGCAATGATTTGGAAAACGGGGCTGCACCACCAATTCAACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5708_L1_Tile|1
ATTTAGCTAAACCATGCAATGATTTGGAAAACGGGGCTGCACCACCAATTCAACTAGTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5713_L1_Tile|1
GCTAAACCATGCAATGATTTGGAAAACGGGGCTGCACCACCAATTCAACTAGTTAATACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5723_L1_Tile|1
GCAATGATTTGGAAAACGGGGCTGCACCACCAATTCAACTAGTTAATACTGTTATTCAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5728_L1_Tile|1
GATTTGGAAAACGGGGCTGCACCACCAATTCAACTAGTTAATACTGTTATTCAGGATGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5733_L1_Tile|1
GGAAAACGGGGCTGCACCACCAATTCAACTAGTTAATACTGTTATTCAGGATGGTGATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5798_L1_Tile|1
ATATAGGCTTTGGGGCTGCTAATTTTCCTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5803_L1_Tile|1
GGCTTTGGGGCTGCTAATTTTCCTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5808_L1_Tile|1
TGGGGCTGCTAATTTTCCTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5813_L1_Tile|1
CTGCTAATTTTCCTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATT

>HPV48_Gamma_9628542_nt5818_L1_Tile|1
AATTTTCCTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5823_L1_Tile|1
TCCTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATTAGTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5833_L1_Tile|1
ATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATTAGTATATGGCCAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5838_L1_Tile|1
GGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATTAGTATATGGCCAGATTTTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5843_L1_Tile|1
GTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATTAGTATATGGCCAGATTTTTTAAAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5853_L1_Tile|1
CCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATTAGTATATGGCCAGATTTTTTAAAGATGACCAAAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5858_L1_Tile|1
TAGAGTTAATAGATTCTATTAGTATATGGCCAGATTTTTTAAAGATGACCAAAGATATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5868_L1_Tile|1
AGATTCTATTAGTATATGGCCAGATTTTTTAAAGATGACCAAAGATATTTATGGAGACTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5888_L1_Tile|1
CAGATTTTTTAAAGATGACCAAAGATATTTATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTGGTAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5893_L1_Tile|1
TTTTTAAAGATGACCAAAGATATTTATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTGGTAAACGGGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5898_L1_Tile|1
AAAGATGACCAAAGATATTTATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTGGTAAACGGGAACAATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5903_L1_Tile|1
TGACCAAAGATATTTATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTGGTAAACGGGAACAATGTTATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5918_L1_Tile|1
ATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTGGTAAACGGGAACAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5928_L1_Tile|1
TGTCTTCTTTTTTGGTAAACGGGAACAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5933_L1_Tile|1
TCTTTTTTGGTAAACGGGAACAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5938_L1_Tile|1
TTTGGTAAACGGGAACAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5948_L1_Tile|1
GGGAACAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5953_L1_Tile|1
CAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATACCAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5958_L1_Tile|1
TTATGCTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5963_L1_Tile|1
CTCGTCATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAATGGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5968_L1_Tile|1
CATCTTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAATGGAGTATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5973_L1_Tile|1
TTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAATGGAGTATATTATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5988_L1_Tile|1
CCAAATGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5993_L1_Tile|1
TGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5998_L1_Tile|1
GAGCCTATACCAACAGAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6008_L1_Tile|1
CAACAGAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6013_L1_Tile|1
GAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6018_L1_Tile|1

TGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6023_L1_Tile|1
TATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6028_L1_Tile|1
TATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6033_L1_Tile|1
AACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6038_L1_Tile|1
CTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6043_L1_Tile|1
TCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAACACCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6058_L1_Tile|1
AACAGATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAACACCAAGTGGATCCTTGAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6063_L1_Tile|1
ATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAACACCAAGTGGATCCTTGAATACTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6068_L1_Tile|1
CTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAACACCAAGTGGATCCTTGAATACTAGCGATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6178_L1_Tile|1
AATGGCATTGTGGGGAAATGAGCTGTTTATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6183_L1_Tile|1
CATTTGTTGGGGAAATGAGCTGTTTATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6188_L1_Tile|1
GTTGGGGAAATGAGCTGTTTATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6193_L1_Tile|1
GGAAATGAGCTGTTTATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6198_L1_Tile|1
TGAGCTGTTTATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6203_L1_Tile|1
TGTTTATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6208_L1_Tile|1
ATTACAGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6213_L1_Tile|1
AGTTTTTTGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6218_L1_Tile|1
TTGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6223_L1_Tile|1
AATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAACTGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6228_L1_Tile|1
TCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAACTGAAAACCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6233_L1_Tile|1
ATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAACTGAAAACCTACATAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6238_L1_Tile|1
AATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAACTGAAAACCTACATAGATAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6243_L1_Tile|1
TACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAACTGAAAACCTACATAGATAATGGTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6248_L1_Tile|1
TTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAACTGAAAACCTACATAGATAATGGTTACAAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6253_L1_Tile|1
GTTAAGAATGATAAACTGCATTAACTGAAAACCTACATAGATAATGGTTACAAATATAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6258_L1_Tile|1
GAATGATAAACTGCATTAACTGAAAACCTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6263_L1_Tile|1
ATAAACTGCATTAACTGAAAACCTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6268_L1_Tile|1
ACTGCATTAACTGAAAACCTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAA

>HPV48_Gamma_9628542_nt6273_L1_Tile|1
ATTAAGTAAAACTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6278_L1_Tile|1
CTGAAACTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6283_L1_Tile|1
AACTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6288_L1_Tile|1
CATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6293_L1_Tile|1
ATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6298_L1_Tile|1
GGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6303_L1_Tile|1
CAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6308_L1_Tile|1
ATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAGAGTTGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6313_L1_Tile|1
AATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAGAGTTGGTTTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6318_L1_Tile|1
AGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAGAGTTGGTTTTTCAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6323_L1_Tile|1
TTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAGAGTTGGTTTTTCAGTTATGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6348_L1_Tile|1
AGAATATGAAATAGAGTTGGTTTTTCAGTTATGCAAAGTGAAGTTGACTGCAGATGTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6353_L1_Tile|1
ATGAAATAGAGTTGGTTTTTCAGTTATGCAAAGTGAAGTTGACTGCAGATGTTCTGGCAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6363_L1_Tile|1
GTTGGTTTTTCAGTTATGCAAAGTGAAGTTGACTGCAGATGTTCTGGCACATTTACACGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6368_L1_Tile|1
TTTTTCAGTTATGCAAAGTGAAGTTGACTGCAGATGTTCTGGCACATTTACACGTTATGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6373_L1_Tile|1
CAGTTATGCAAAGTGAAGTTGACTGCAGATGTTCTGGCACATTTACACGTTATGAATCCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6378_L1_Tile|1
ATGCAAAGTGAAGTTGACTGCAGATGTTCTGGCACATTTACACGTTATGAATCCCAGAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6383_L1_Tile|1
AAGTGAAGTTGACTGCAGATGTTCTGGCACATTTACACGTTATGAATCCCAGAATATTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6388_L1_Tile|1
AACTTGACTGCAGATGTTCTGGCACATTTACACGTTATGAATCCCAGAATATTAGAGGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6398_L1_Tile|1
CAGATGTTCTGGCACATTTACACGTTATGAATCCCAGAATATTAGAGGAGTGGCAATTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6458_L1_Tile|1
CTTTTGTTCACAGCTCCAACGGGCATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6463_L1_Tile|1
GTTCCACAGCTCCAACGGGCATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6468_L1_Tile|1
ACCAGCTCCAACGGGCATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6473_L1_Tile|1
CTCCAACGGGCATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6478_L1_Tile|1
ACGGGCATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6483_L1_Tile|1
CATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6488_L1_Tile|1
AAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAACCAGAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6493_L1_Tile|1

ACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAACCAGAAGAAGAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6503_L1_Tile|1
ATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAACCAGAAGAAGACACAGATCCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6518_L1_Tile|1
CTACTAAATGCCCTACTGCTGAACCAGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6528_L1_Tile|1
CCCTACTGCTGAACCAGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6533_L1_Tile|1
CTGCTGAACCAGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6538_L1_Tile|1
GAACCAGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6543_L1_Tile|1
AGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6548_L1_Tile|1
AAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6553_L1_Tile|1
ACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6558_L1_Tile|1
TCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6563_L1_Tile|1
ACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6568_L1_Tile|1
GCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6573_L1_Tile|1
CAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6578_L1_Tile|1
TCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCTTGGGTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6583_L1_Tile|1
ACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCTTGGGTCGAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6588_L1_Tile|1
AGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCTTGGGTCGAAAATTTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6593_L1_Tile|1
TGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCTTGGGTCGAAAATTTTTATATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6598_L1_Tile|1
GAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCTTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6603_L1_Tile|1
CTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCTTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAACGGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6613_L1_Tile|1
GATTTAAGTCAGTTTTCCTTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAACGGTTTGTTAAATGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6623_L1_Tile|1
AGTTTTCTTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAACGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6628_L1_Tile|1
TCCTTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAACGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6633_L1_Tile|1
GGGTCGAAAATTTTTATATCAAACGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6638_L1_Tile|1
GAAAATTTTTATATCAAACGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6648_L1_Tile|1
ATATCAAACGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6653_L1_Tile|1
AAACTGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6658_L1_Tile|1
GGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6663_L1_Tile|1
GTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTAC

>HPV48_Gamma_9628542_nt6668_L1_Tile|1
ATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTACAAAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6673_L1_Tile|1
AAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTACAAAGCGTAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6678_L1_Tile|1
AGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTACAAAGCGTAGGAGAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6683_L1_Tile|1
GAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTACAAAGCGTAGGAGAGTAAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6685_L1_Tile|1
ACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTACAAAGCGTAGGAGAGTAAGATAG
>HPV49_Beta_9627363_nt5952_L1_Tile|1
AGGACATCCATATTTTGATGTGAGAGATACAGCAGACAATTCTAAAATTTTAGTACCAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt5957_L1_Tile|1
ATCCATATTTTGATGTGAGAGATACAGCAGACAATTCTAAAATTTTAGTACCAAGGTTT
>HPV49_Beta_9627363_nt6167_L1_Tile|1
GTACAACAGGACATCCATTGTTTAAACAAAGTCAAAGATACTGAAAATGCTAATAACTATA
>HPV49_Beta_9627363_nt6177_L1_Tile|1
ACATCCATTGTTTAAACAAAGTCAAAGATACTGAAAATGCTAATAACTATATAGTAACTTC
>HPV49_Beta_9627363_nt6182_L1_Tile|2
CATTGTTTAAACAAAGTCAAAGATACTGAAAATGCTAATAACTATATAGTAACTTCTAAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt6292_L1_Tile|1
ATAGGTTGTACTCCTTGTATGGGTGAGTACTGGGACGCTGCTAAACCTTGTGATGCAGAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6297_L1_Tile|1
TTGTACTCCTTGTATGGGTGAGTACTGGGACGCTGCTAAACCTTGTGATGCAGATGCTGG
>HPV49_Beta_9627363_nt6332_L1_Tile|1
CTAAACCTTGTGATGCAGATGCTGGTCAGGGTAAATGCCCTCCATTAGAATTAATCAATT
>HPV49_Beta_9627363_nt6337_L1_Tile|1
CCTTGTGATGCAGATGCTGGTCAGGGTAAATGCCCTCCATTAGAATTAATCAATTCAGTT
>HPV49_Beta_9627363_nt6392_L1_Tile|1
CAGTTATACAAGATGGTGATATGATTGATATAGGTTTTGGTAATATCAATAATAAGACAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6587_L1_Tile|1
GGCACTTCTTTGTTAGAGGTGGTAATGTAGGGGATGCGATACCCAATACTGCTGTAGGTC
>HPV49_Beta_9627363_nt6592_L1_Tile|1
TTCTTTGTTAGAGGTGGTAATGTAGGGGATGCGATACCCAATACTGCTGTAGGTCAGGAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6602_L1_Tile|2
GAGGTGGTAATGTAGGGGATGCGATACCCAATACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACA
>HPV49_Beta_9627363_nt6607_L1_Tile|1
GGTAATGTAGGGGATGCGATACCCAATACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACATATTA
>HPV49_Beta_9627363_nt6612_L1_Tile|1
TGTAGGGGATGCGATACCCAATACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACATATTACCTGC
>HPV49_Beta_9627363_nt6617_L1_Tile|1
GGGATGCGATACCCAATACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACATATTACCTGCAGCAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6622_L1_Tile|2
GCGATACCCAATACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACATATTACCTGCAGCAAGTCAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6627_L1_Tile|1
ACCCAATACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGC
>HPV49_Beta_9627363_nt6632_L1_Tile|1
ATACTGCTGTAGGTCAGGATAACAATTACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6647_L1_Tile|1
AGGATAACAATTACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAAATACTCTTGGCAGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt6652_L1_Tile|1
AACAAATTACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAAATACTCTTGGCAGCTCCATC
>HPV49_Beta_9627363_nt6657_L1_Tile|1
TTACATATTACCTGCAGCAAGTCAACAGGCCCAAAATACTCTTGGCAGCTCCATCTATTT
>HPV49_Beta_9627363_nt6677_L1_Tile|1

GTCAACAGGCCCAAATACTCTTGGCAGCTCCATCTATTTCCCTACCGTCAGTGGCTCTT
>HPV49_Beta_9627363_nt6822_L1_Tile|2
TCAGCTTTTTATAACAGTGGCTGATAATACCAGAAATACCAATTTTACTATTAGTGTAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt6827_L1_Tile|1
TTTTTATAACAGTGGCTGATAATACCAGAAATACCAATTTTACTATTAGTGTAAGTACGG
>HPV49_Beta_9627363_nt6832_L1_Tile|1
ATAACAGTGGCTGATAATACCAGAAATACCAATTTTACTATTAGTGTAAGTACGGATGGC
>HPV49_Beta_9627363_nt6847_L1_Tile|1
AATACCAGAAATACCAATTTTACTATTAGTGTAAGTACGGATGGCCAGACACCTACAGAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6852_L1_Tile|1
CAGAAATACCAATTTTACTATTAGTGTAAGTACGGATGGCCAGACACCTACAGAATATGA
>HPV49_Beta_9627363_nt6857_L1_Tile|1
ATACCAATTTTACTATTAGTGTAAGTACGGATGGCCAGACACCTACAGAATATGACAGTA
>HPV49_Beta_9627363_nt6862_L1_Tile|2
AATTTTACTATTAGTGTAAGTACGGATGGCCAGACACCTACAGAATATGACAGTACCAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt6867_L1_Tile|1
TACTATTAGTGTAAGTACGGATGGCCAGACACCTACAGAATATGACAGTACCAAGGTTAG
>HPV49_Beta_9627363_nt7052_L1_Tile|1
AATTGGGATTTGTTCCCTACCCCTGATAATCCTATACATGACACATATAGGTATCTTACAT
>HPV49_Beta_9627363_nt7057_L1_Tile|1
GGATTTGTTCCCTACCCCTGATAATCCTATACATGACACATATAGGTATCTTACATCACAG
>HPV49_Beta_9627363_nt7067_L1_Tile|1
CTACCCCTGATAATCCTATACATGACACATATAGGTATCTTACATCACAGGCAACACGAT
>HPV49_Beta_9627363_nt7072_L1_Tile|1
CCTGATAATCCTATACATGACACATATAGGTATCTTACATCACAGGCAACACGATGCCCT
>HPV49_Beta_9627363_nt7077_L1_Tile|1
TAATCCTATACATGACACATATAGGTATCTTACATCACAGGCAACACGATGCCCTGACAA
>HPV49_Beta_9627363_nt7082_L1_Tile|2
CTATACATGACACATATAGGTATCTTACATCACAGGCAACACGATGCCCTGACAAACAAC
>HPV49_Beta_9627363_nt7087_L1_Tile|1
CATGACACATATAGGTATCTTACATCACAGGCAACACGATGCCCTGACAAACAACCTGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt7097_L1_Tile|1
ATAGGTATCTTACATCACAGGCAACACGATGCCCTGACAAACAACCTGCTCCAGAAAGGA
>HPV49_Beta_9627363_nt7112_L1_Tile|1
CACAGGCAACACGATGCCCTGACAAACAACCTGCTCCAGAAAGGAAAGATCCATATGAGC
>HPV49_Beta_9627363_nt7117_L1_Tile|1
GCAACACGATGCCCTGACAAACAACCTGCTCCAGAAAGGAAAGATCCATATGAGCAGTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt7122_L1_Tile|2
ACGATGCCCTGACAAACAACCTGCTCCAGAAAGGAAAGATCCATATGAGCAGTATAACTT
>HPV49_Beta_9627363_nt7232_L1_Tile|1
CTTTAGGAAGAAAGTTTTTTATTTCAAGCTGGGCTACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAAT
>HPV49_Beta_9627363_nt7242_L1_Tile|2
AAAGTTTTTATTTCAAGCTGGGCTACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGC
>HPV49_Beta_9627363_nt7247_L1_Tile|1
TTTTATTTCAAGCTGGGCTACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAG
>HPV49_Beta_9627363_nt7252_L1_Tile|1
TTTCAAGCTGGGCTACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAGCTTCC
>HPV49_Beta_9627363_nt7257_L1_Tile|1
AGCTGGGCTACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAGCTTCCACACG
>HPV49_Beta_9627363_nt7262_L1_Tile|2
GGCTACAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAGCTTCCACACGGGGTA
>HPV49_Beta_9627363_nt7267_L1_Tile|1
CAACGGGCTTCTAGAGTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAGCTTCCACACGGGGTATTAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt7282_L1_Tile|2
GTGTCTAAATCCTCTGCTGCTAGAGCTTCCACACGGGGTATTAAACGAAAACGGAGATGA

>HPV50_Gamma_9628550_nt5232_L1_Tile|1
ATGGCTCATTGGTCCTCAACCTCTGGAAAGTTATACCTTCCACCAAGTACTCCTGTTGCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5237_L1_Tile|1
TCATTGGTCCTCAACCTCTGGAAAGTTATACCTTCCACCAAGTACTCCTGTTGCCAGAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5242_L1_Tile|2
GGTCCTCAACCTCTGGAAAGTTATACCTTCCACCAAGTACTCCTGTTGCCAGAGTTTTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5247_L1_Tile|1
TCAACCTCTGGAAAGTTATACCTTCCACCAAGTACTCCTGTTGCCAGAGTTTTAAGCACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5272_L1_Tile|1
CACCAAGTACTCCTGTTGCCAGAGTTTTAAGCACCGATGAATATGTGAAAGAACTGATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5277_L1_Tile|1
AGTACTCCTGTTGCCAGAGTTTTAAGCACCGATGAATATGTGAAAGAACTGATGTTTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5322_L1_Tile|2
GAAACTGATGTTTACTTTTCATGCACGCAGTGAGCGTTTACTAATTGTGGGACACCCATAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5347_L1_Tile|1
GCAGTGAGCGTTTACTAATTGTGGGACACCCATATTATGATATAGAAGATGGTGGAGATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5352_L1_Tile|1
GAGCGTTTACTAATTGTGGGACACCCATATTATGATATAGAAGATGGTGGAGATATCAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5357_L1_Tile|1
TTTACTAATTGTGGGACACCCATATTATGATATAGAAGATGGTGGAGATATCAAAGTTCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5362_L1_Tile|2
TAATTGTGGGACACCCATATTATGATATAGAAGATGGTGGAGATATCAAAGTTCCTAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5372_L1_Tile|1
ACACCCATATTATGATATAGAAGATGGTGGAGATATCAAAGTTCCTAAAGTATCAGCAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5377_L1_Tile|1
CATATTATGATATAGAAGATGGTGGAGATATCAAAGTTCCTAAAGTATCAGCAAATCAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5397_L1_Tile|1
GGTGGAGATATCAAAGTTCCTAAAGTATCAGCAAATCAATACAGAGTTTTTCGTTGTGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5482_L1_Tile|2
TAATTGATACTACATTGTATAACTCAGATACAGAACGTTTGGTTTGGAAACTAGTAGGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5487_L1_Tile|1
GATACTACATTGTATAACTCAGATACAGAACGTTTGGTTTGGAAACTAGTAGGTATAGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5492_L1_Tile|1
TACATTGTATAACTCAGATACAGAACGTTTGGTTTGGAAACTAGTAGGTATAGAAGTCGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5497_L1_Tile|1
TGTATAACTCAGATACAGAACGTTTGGTTTGGAAACTAGTAGGTATAGAAGTCGGGAGAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5507_L1_Tile|1
AGATACAGAACGTTTGGTTTGGAAACTAGTAGGTATAGAAGTCGGGAGAGGTGGGCCTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5522_L1_Tile|2
GGTTTGGAAACTAGTAGGTATAGAAGTCGGGAGAGGTGGGCCTTTAGGTGTTGGATCTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5527_L1_Tile|1
GGAAACTAGTAGGTATAGAAGTCGGGAGAGGTGGGCCTTTAGGTGTTGGATCTACTGGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5617_L1_Tile|1
AAAATCCTAGCTTTTACTTAGGTCCACAAGAAAAAGATGAAAGACAAAACCTTGTCTATAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5622_L1_Tile|2
CCTAGCTTTTACTTAGGTCCACAAGAAAAAGATGAAAGACAAAACCTTGTCTATAGATCCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5632_L1_Tile|1
ACTTAGGTCCACAAGAAAAAGATGAAAGACAAAACCTTGTCTATAGATCCTAAACAAACAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5642_L1_Tile|2
ACAAGAAAAAGATGAAAGACAAAACCTTGTCTATAGATCCTAAACAAACACAGTTATTGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5647_L1_Tile|1
AAAAAGATGAAAGACAAAACCTTGTCTATAGATCCTAAACAAACACAGTTATTGATTGTAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5652_L1_Tile|1
GATGAAAGACAAAACCTTGTCTATAGATCCTAAACAAACACAGTTATTGATTGTAGGCTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5667_L1_Tile|1

TTGTCTATAGATCCTAAACAAACACAGTTATTGATTGTAGGCTGCAAACCAGCTGTTGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5687_L1_Tile|1
AACACAGTTATTGATTGTAGGCTGCAAACCAGCTGTTGGTGAATATTGGGATTTAGCAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5692_L1_Tile|1
AGTTATTGATTGTAGGCTGCAAACCAGCTGTTGGTGAATATTGGGATTTAGCAGAACCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5702_L1_Tile|2
TGTAGGCTGCAAACCAGCTGTTGGTGAATATTGGGATTTAGCAGAACCTTGTGACAAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5717_L1_Tile|1
AGCTGTTGGTGAATATTGGGATTTAGCAGAACCTTGTGACAAAAACAGCTTAAATAATGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5742_L1_Tile|2
GCAGAACCTTGTGACAAAAACAGCTTAAATAATGGCAAGTGTCTCCAATACAACACTAGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5747_L1_Tile|1
ACCTTGTGACAAAAACAGCTTAAATAATGGCAAGTGTCTCCAATACAACACTAGTAAACAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5752_L1_Tile|1
GTGACAAAAACAGCTTAAATAATGGCAAGTGTCTCCAATACAACACTAGTAAACAGTTATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5757_L1_Tile|1
AAAAACAGCTTAAATAATGGCAAGTGTCTCCAATACAACACTAGTAAACAGTTATATTCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5827_L1_Tile|1
TGGGAGATATAGGATTTGGTAATGCAAACCTTTCCTAAACTACAACAGGACAGAGCAGGGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5832_L1_Tile|1
GATATAGGATTTGGTAATGCAAACCTTTCCTAAACTACAACAGGACAGAGCAGGGGTCCCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5837_L1_Tile|1
AGGATTTGGTAATGCAAACCTTTCCTAAACTACAACAGGACAGAGCAGGGGTCCCTTTAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5847_L1_Tile|1
AATGCAAACCTTTCCTAAACTACAACAGGACAGAGCAGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5852_L1_Tile|1
AAACTTTCCTAAACTACAACAGGACAGAGCAGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGATTCAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5862_L1_Tile|2
AAACTACAACAGGACAGAGCAGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGATTCAATCAGCTTATGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5872_L1_Tile|1
AGGACAGAGCAGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGATTCAATCAGCTTATGGCCTGATCTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5882_L1_Tile|2
AGGGGTCCCTTTAGATATAGTGGATTCAATCAGCTTATGGCCTGATCTATTAAAAATGAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5887_L1_Tile|1
TCCCTTTAGATATAGTGGATTCAATCAGCTTATGGCCTGATCTATTAAAAATGACTAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5892_L1_Tile|1
TTAGATATAGTGGATTCAATCAGCTTATGGCCTGATCTATTAAAAATGACTAAAGATGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5897_L1_Tile|1
TATAGTGGATTCAATCAGCTTATGGCCTGATCTATTAAAAATGACTAAAGATGTCTATGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5902_L1_Tile|2
TGGATTCAATCAGCTTATGGCCTGATCTATTAAAAATGACTAAAGATGTCTATGGGGACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5917_L1_Tile|1
TATGGCCTGATCTATTAAAAATGACTAAAGATGTCTATGGGGACCATGTGTTTTTCTATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5927_L1_Tile|1
TCTATTAAAAATGACTAAAGATGTCTATGGGGACCATGTGTTTTTCTATGCAAAGCAAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5937_L1_Tile|1
ATGACTAAAGATGTCTATGGGGACCATGTGTTTTTCTATGCAAAGCAAGAGCAATTATAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5977_L1_Tile|1
CAAAGCAAGAGCAATTATATGCCAGACATTTGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5982_L1_Tile|2
CAAGAGCAATTATATGCCAGACATTTGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAACCTATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5987_L1_Tile|1
GCAATTATATGCCAGACATTTGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAACCTATACCTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5992_L1_Tile|1
TATATGCCAGACATTTGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAACCTATACCTAATGTCT

>HPV50_Gamma_9628550_nt5997_L1_Tile|1
GCCAGACATTTGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAACCTATACCTAATGTCTCAGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6002_L1_Tile|2
ACATTTGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAACCTATACCTAATGTCTCAGGAGTTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6007_L1_Tile|1
TGTTTACCCATGCAGGACCAATTGGGGAACCTATACCTAATGTCTCAGGAGTTTATAATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6022_L1_Tile|2
GACCAATTGGGGAACCTATACCTAATGTCTCAGGAGTTTATAATTATGCAGTAAACCCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6027_L1_Tile|1
ATTGGGGAACCTATACCTAATGTCTCAGGAGTTTATAATTATGCAGTAAACCCTAATCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6032_L1_Tile|1
GGAACCTATACCTAATGTCTCAGGAGTTTATAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6037_L1_Tile|1
CTATACCTAATGTCTCAGGAGTTTATAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6042_L1_Tile|2
CCTAATGTCTCAGGAGTTTATAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6047_L1_Tile|1
TGTCTCAGGAGTTTATAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6057_L1_Tile|1
GTTTATAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATATTGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6062_L1_Tile|2
TAATTATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6067_L1_Tile|1
ATGCAGTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTACTTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6072_L1_Tile|1
GTAAACCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTACTTATATTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6077_L1_Tile|1
CCCTAATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTACTTATATTTTACTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6082_L1_Tile|2
ATCAACCAGAGCAAAATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTACTTATATTTTACTACACCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6092_L1_Tile|1
GCAAAATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTACTTATATTTTACTACACCAAGTGGATCTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6097_L1_Tile|1
ATCGTAGAACCAATATTGGTTCCTACTTATATTTTACTACACCAAGTGGATCTTTAAATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6102_L1_Tile|2
AGAACCAATATTGGTTCCTACTTATATTTTACTACACCAAGTGGATCTTTAAATACAAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6107_L1_Tile|1
CAATATTGGTTCCTACTTATATTTTACTACACCAAGTGGATCTTTAAATACAAGCAGTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6112_L1_Tile|1
TTGGTTCCTACTTATATTTTACTACACCAAGTGGATCTTTAAATACAAGCAGTTCACAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6117_L1_Tile|1
TCCTACTTATATTTTACTACACCAAGTGGATCTTTAAATACAAGCAGTTCACAGTTATTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6137_L1_Tile|1
ACCAAGTGGATCTTTAAATACAAGCAGTTCACAGTTATTTAATAGACCATATTGGATTCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6207_L1_Tile|1
GGTACGAACAATTGTATTTGTTGGGGTAATGAGGTATTTGTTACAGTATTTGATAACACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6217_L1_Tile|1
ATTGTATTTGTTGGGGTAATGAGGTATTTGTTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6222_L1_Tile|2
ATTTGTTGGGGTAATGAGGTATTTGTTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTAACTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6227_L1_Tile|1
TTGGGGTAATGAGGTATTTGTTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTAACTTTAATAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6232_L1_Tile|1
GTAATGAGGTATTTGTTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTAACTTTAATATTAGTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6237_L1_Tile|1

GAGGTATTTGTTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6242_L1_Tile|2
ATTTGTTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6247_L1_Tile|1
TTACAGTATTTGATAACACCAGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGATGTCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6252_L1_Tile|1
GTATTTGATAACACCAGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6257_L1_Tile|1
TGATAACACCAGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6262_L1_Tile|2
ACACCAGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6267_L1_Tile|1
AGAAACATTAACCTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6272_L1_Tile|1
CATTAACTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6277_L1_Tile|1
ACTTTAATATTAGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6287_L1_Tile|1
TAGTGTTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTCTTATATGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6292_L1_Tile|1
TTAAGAAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTCTTATATGTACTCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6297_L1_Tile|1
AAAGATGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTCTTATATGTACTCAAAGGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6302_L1_Tile|2
TGTCAATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6307_L1_Tile|1
ATCCTTTGGATCCTTTAAATGTAGCAAGTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAAATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6322_L1_Tile|2
TAAATGTAGCAAGTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAAATCAGTACAGCCGTCATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6327_L1_Tile|1
GTAGCAAGTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAAATCAGTACAGCCGTCATACTGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6332_L1_Tile|1
AAGTTCTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAAATCAGTACAGCCGTCATACTGAAGAATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6337_L1_Tile|1
CTTATATGTACTCAAAGGATGATTTTAAATCAGTACAGCCGTCATACTGAAGAATATGAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6342_L1_Tile|2
ATGTACTCAAAGGATGATTTTAAATCAGTACAGCCGTCATACTGAAGAATATGAATTAGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6347_L1_Tile|1
CTCAAAGGATGATTTTAAATCAGTACAGCCGTCATACTGAAGAATATGAATTAGAATTTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6387_L1_Tile|1
GAATATGAATTAGAATTTATATTTTCAGTTATGTAAAGTAGGATTGGATGCTGATATATTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6392_L1_Tile|1
TGAATTAGAATTTATATTTTCAGTTATGTAAAGTAGGATTGGATGCTGATATATTAGCTCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6397_L1_Tile|1
TAGAATTTATATTTTCAGTTATGTAAAGTAGGATTGGATGCTGATATATTAGCTCATCTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6402_L1_Tile|2
TTTATATTTTCAGTTATGTAAAGTAGGATTGGATGCTGATATATTAGCTCATCTTAATGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6407_L1_Tile|1
ATTTTCAGTTATGTAAAGTAGGATTGGATGCTGATATATTAGCTCATCTTAATGTAATGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6417_L1_Tile|1
TGTAAGTAGGATTGGATGCTGATATATTAGCTCATCTTAATGTAATGGACCCCAGAATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6422_L1_Tile|2
AGTAGGATTGGATGCTGATATATTAGCTCATCTTAATGTAATGGACCCCAGAATTTTGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6427_L1_Tile|1
GATTGGATGCTGATATATTAGCTCATCTTAATGTAATGGACCCCAGAATTTTGGAATTT

>HPV50_Gamma_9628550_nt6432_L1_Tile|1
GATGCTGATATATTAGCTCATCTTAATGTAATGGACCCCAGAATTTTGGAAAATTGGCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6437_L1_Tile|1
TGATATATTAGCTCATCTTAATGTAATGGACCCCAGAATTTTGGAAAATTGGCAATTAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6442_L1_Tile|2
TATTAGCTCATCTTAATGTAATGGACCCCAGAATTTTGGAAAATTGGCAATTAGCTTATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6447_L1_Tile|1
GCTCATCTTAATGTAATGGACCCCAGAATTTTGGAAAATTGGCAATTAGCTTATGTTCCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6472_L1_Tile|1
GAATTTTGGAAAATTGGCAATTAGCTTATGTTCCACCAGCTCCCAGTGGTATAGGCGATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6522_L1_Tile|2
ATAGGCGATACTTACAGATACTTAAAATCTGATGCTACAAAATGTCCTGCAAAAGACAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6527_L1_Tile|1
CGATACTTACAGATACTTAAAATCTGATGCTACAAAATGTCCTGCAAAAGACAGTAGCGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6532_L1_Tile|1
CTTACAGATACTTAAAATCTGATGCTACAAAATGTCCTGCAAAAGACAGTAGCGCCGAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6537_L1_Tile|1
AGATACTTAAAATCTGATGCTACAAAATGTCCTGCAAAAGACAGTAGCGCCGAAGTAGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6542_L1_Tile|2
CTTAAAATCTGATGCTACAAAATGTCCTGCAAAAGACAGTAGCGCCGAAGTAGTAGACCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6547_L1_Tile|1
AATCTGATGCTACAAAATGTCCTGCAAAAGACAGTAGCGCCGAAGTAGTAGACCCTTATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6552_L1_Tile|1
GATGCTACAAAATGTCCTGCAAAAGACAGTAGCGCCGAAGTAGTAGACCCTTATAAAGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6572_L1_Tile|1
AAAAGACAGTAGCGCCGAAGTAGTAGACCCTTATAAAGAATATACTTTTTGGAATGTCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6587_L1_Tile|1
CGAAGTAGTAGACCCTTATAAAGAATATACTTTTTGGAATGTCAACCTTACAGAAAAGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6592_L1_Tile|1
TAGTAGACCCTTATAAAGAATATACTTTTTGGAATGTCAACCTTACAGAAAAGTTTTCGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6597_L1_Tile|1
GACCCTTATAAAGAATATACTTTTTGGAATGTCAACCTTACAGAAAAGTTTTCGTCTGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6602_L1_Tile|2
TTATAAAGAATATACTTTTTGGAATGTCAACCTTACAGAAAAGTTTTCGTCTGAACTTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6607_L1_Tile|1
AAGAATATACTTTTTGGAATGTCAACCTTACAGAAAAGTTTTCGTCTGAACTTGATCAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6612_L1_Tile|1
TATACTTTTTGGAATGTCAACCTTACAGAAAAGTTTTCGTCTGAACTTGATCAGTATGCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6617_L1_Tile|1
TTTTTTGGAATGTCAACCTTACAGAAAAGTTTTCGTCTGAACTTGATCAGTATGCCCTAGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6627_L1_Tile|1
GTCAACCTTACAGAAAAGTTTTCGTCTGAACTTGATCAGTATGCCCTAGGACGAAAATTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6642_L1_Tile|2
AAGTTTTCTGCTGAACTTGATCAGTATGCCCTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6647_L1_Tile|1
TTCGTCTGAACTTGATCAGTATGCCCTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6652_L1_Tile|1
CTGAACTTGATCAGTATGCCCTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6657_L1_Tile|1
CTTGATCAGTATGCCCTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6662_L1_Tile|2
TCAGTATGCCCTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6667_L1_Tile|1
ATGCCCTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6672_L1_Tile|1

CTAGGACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6677_L1_Tile|1
ACGAAAATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6682_L1_Tile|2
AATTTTTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6687_L1_Tile|1
TTGTTTCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTACAGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6692_L1_Tile|1
TCAGACTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6697_L1_Tile|1
CTGGATTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAAACCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6702_L1_Tile|2
TTATTAAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAAACCAAACAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6707_L1_Tile|1
AAAGAGAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAAACCAAACAAGAGAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6712_L1_Tile|1
GAAGAGTTAGAACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAAACCAAACAAGAGAAAACGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6720_L1_Tile|1
AGAAGTTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAAACCAAACAAGAGAAAACGTACCAGATAA
>HPV51_Alpha_333087_nt5667_L1_Tile|1
ATTTTCCAATACCTAAACCTCAACGCGTGCTGCTATTTCCTAAAGTATCTGCATTTCAAT
>HPV51_Alpha_333087_nt5892_L1_Tile|1
AATATGATGACACAGAAAATTCACGCATAGCAAATGGCAATGCACAACAAGATGTTAGAG
>HPV51_Alpha_333087_nt5897_L1_Tile|1
GATGACACAGAAAATTCACGCATAGCAAATGGCAATGCACAACAAGATGTTAGAGATAAC
>HPV51_Alpha_333087_nt5902_L1_Tile|2
CACAGAAAATTCACGCATAGCAAATGGCAATGCACAACAAGATGTTAGAGATAACACATC
>HPV51_Alpha_333087_nt5907_L1_Tile|1
AAAATTCACGCATAGCAAATGGCAATGCACAACAAGATGTTAGAGATAACACATCTGTTG
>HPV51_Alpha_333087_nt5912_L1_Tile|1
TCACGCATAGCAAATGGCAATGCACAACAAGATGTTAGAGATAACACATCTGTTGACAAC
>HPV51_Alpha_333087_nt6027_L1_Tile|1
GTATTGGCACTACATGCAAAAACACACCTGTACCTCCAGGAGACTGCCCCCCCCCTGGAAC
>HPV51_Alpha_333087_nt6032_L1_Tile|1
GGCACTACATGCAAAAACACACCTGTACCTCCAGGAGACTGCCCCCCCCCTGGAACCTGTA
>HPV51_Alpha_333087_nt6272_L1_Tile|1
AGGGAGCAAAATCTTTGCTAGGCACTATTATAATAAACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATT
>HPV51_Alpha_333087_nt6282_L1_Tile|2
TCTTTGCTAGGCACTATTATAATAAACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATT
>HPV51_Alpha_333087_nt6287_L1_Tile|1
GCTAGGCACTATTATAATAAACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATTATTAT
>HPV51_Alpha_333087_nt6292_L1_Tile|1
GCACTATTATAATAAACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATTATTATATTAA
>HPV51_Alpha_333087_nt6297_L1_Tile|1
ATTATAATAAACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATTATTATATTAAAGGGTA
>HPV51_Alpha_333087_nt6302_L1_Tile|2
AATAAACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATTATTATATTAAAGGGTAGTGGT
>HPV51_Alpha_333087_nt6307_L1_Tile|1
ACTTGTAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATTATTATATTAAAGGGTAGTGGTAATGG
>HPV51_Alpha_333087_nt6312_L1_Tile|1
TAGGTGTTGGGGAAGACATTCCTAACGATTATTATATTAAAGGGTAGTGGTAATGGCCGTG
>HPV51_Alpha_333087_nt6517_L1_Tile|1
CTGTGTTGATACTACCAGAAGTACAAATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTC
>HPV51_Alpha_333087_nt6522_L1_Tile|2
TTGATACTACCAGAAGTACAAATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAA

>HPV51_Alpha_333087_nt6527_L1_Tile|1
ACTACCAGAAGTACAAATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTT
>HPV51_Alpha_333087_nt6532_L1_Tile|1
CAGAAGTACAAATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCC
>HPV51_Alpha_333087_nt6537_L1_Tile|1
GTACAAATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTA
>HPV51_Alpha_333087_nt6542_L1_Tile|2
AATTTAACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTAACTTT
>HPV51_Alpha_333087_nt6547_L1_Tile|1
AACTATTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTAACTTTAAGCA
>HPV51_Alpha_333087_nt6552_L1_Tile|1
TTAGCACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTAACTTTAAGCAATATA
>HPV51_Alpha_333087_nt6557_L1_Tile|1
ACTGCCACTGCTGCGGTTTCCCCAACATTTACTCCAAGTAACTTTAAGCAATATATTAGG
>HPV51_Alpha_333087_nt6652_L1_Tile|1
ATTATGTAAATTTACTTTAACTACAGAGGTAATGGCTTATTTACACACAATGGATCCTAC
>HPV51_Alpha_333087_nt6667_L1_Tile|1
TTTAACTACAGAGGTAATGGCTTATTTACACACAATGGATCCTACCATTCTTGAACAGTG
>HPV52_Alpha_397038_nt5756_L1_Tile|1
GCAGTTCTCGATTACTAACAGTAGGACATCCCTATTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTG
>HPV52_Alpha_397038_nt5761_L1_Tile|1
TCTCGATTACTAACAGTAGGACATCCCTATTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAAT
>HPV52_Alpha_397038_nt5771_L1_Tile|1
TAACAGTAGGACATCCCTATTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAATGGTAAAAAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt5776_L1_Tile|1
GTAGGACATCCCTATTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAATGGTAAAAAAGTTTTTA
>HPV52_Alpha_397038_nt5781_L1_Tile|1
ACATCCCTATTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAATGGTAAAAAAGTTTGTAGTTCC
>HPV52_Alpha_397038_nt5791_L1_Tile|1
TTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAATGGTAAAAAAGTTTGTAGTTCCCAAGGTGTCT
>HPV52_Alpha_397038_nt6021_L1_Tile|1
AAACAAGTTTGATGATACTGAAACCAGTAACAAATATGCTGGTAAACCTGGTATAGATAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6131_L1_Tile|1
GATGCAAACCTCCTATAGGTGAACATTGGGGTAAGGGAACCCCTTGTAATAATAATTTCAG
>HPV52_Alpha_397038_nt6156_L1_Tile|1
TTGGGGTAAGGGAACCCCTTGTAATAATAATTTCAGGAAATCCTGGGGATTGTCCTCCCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt6161_L1_Tile|1
GTAAGGGAACCCCTTGTAATAATAATTTCAGGAAATCCTGGGGATTGTCCTCCCCTACAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt6166_L1_Tile|1
GGAACCCCTTGTAATAATAATTTCAGGAAATCCTGGGGATTGTCCTCCCCTACAGCTCATT
>HPV52_Alpha_397038_nt6171_L1_Tile|1
CCCTTGTAATAATAATTTCAGGAAATCCTGGGGATTGTCCTCCCCTACAGCTCATTAACAG
>HPV52_Alpha_397038_nt6176_L1_Tile|1
GTAATAATAATTTCAGGAAATCCTGGGGATTGTCCTCCCCTACAGCTCATTAACAGTGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt6436_L1_Tile|1
AATAGGGCCGGTACCTTAGGTGACCCTGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6446_L1_Tile|1
GTACCTTAGGTGACCCTGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt6451_L1_Tile|1
TTAGGTGACCCTGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCC
>HPV52_Alpha_397038_nt6461_L1_Tile|1
CTGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCCACTGTACAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6466_L1_Tile|1
CCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCCACTGTACAAAGCAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt6471_L1_Tile|1

TGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCCACTGTACAAAGCAGTGCTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt6671_L1_Tile|1
GTAGCTAACATGACTTTATGTGCTGAGGTTAAAAAGGAAAGCACATATAAAAATGAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6781_L1_Tile|1
TTTCAATTGTGCAAAATTACATTAACAGCTGATGTTATGACATACATTCATAAGATGGAT
>HPV52_Alpha_397038_nt6786_L1_Tile|1
ATTGTGCAAAATTACATTAACAGCTGATGTTATGACATACATTCATAAGATGGATGCCAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6791_L1_Tile|1
GCAAAATTACATTAACAGCTGATGTTATGACATACATTCATAAGATGGATGCCACTATTT
>HPV52_Alpha_397038_nt6891_L1_Tile|1
ATCTTTGGAGGACACATACAGATTTGTCACTTCTACTGCTATAACTTGTCAAAAAACAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6906_L1_Tile|1
ATACAGATTTGTCACTTCTACTGCTATAACTTGTCAAAAAACACACCACCTAAAGGAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6911_L1_Tile|1
GATTTGTCACTTCTACTGCTATAACTTGTCAAAAAACACACCACCTAAAGGAAAGGAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt6916_L1_Tile|1
GTCACCTTCTACTGCTATAACTTGTCAAAAAACACACCACCTAAAGGAAAGGAAGATCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt6931_L1_Tile|1
ATAACTTGTCAAAAAACACACCACCTAAAGGAAAGGAAGATCCTTTAAAGGACTATATG
>HPV52_Alpha_397038_nt7041_L1_Tile|1
TCCTTTAGGTAGGAAGTTTTTGTACAGGCAGGGCTACAGGCTAGGCCCAAACCTAAAACG
>HPV52_Alpha_397038_nt7046_L1_Tile|1
TAGGTAGGAAGTTTTTGTACAGGCAGGGCTACAGGCTAGGCCCAAACCTAAAACGCCCTG
>HPV52_Alpha_397038_nt7051_L1_Tile|1
AGGAAGTTTTTGTACAGGCAGGGCTACAGGCTAGGCCCAAACCTAAAACGCCCTGCATCA
>HPV52_Alpha_397038_nt7056_L1_Tile|1
GTTTTTGTACAGGCAGGGCTACAGGCTAGGCCCAAACCTAAAACGCCCTGCATCATCGGC
>HPV52_Alpha_397038_nt7071_L1_Tile|1
AGGGCTACAGGCTAGGCCCAAACCTAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCAC
>HPV52_Alpha_397038_nt7076_L1_Tile|1
TACAGGCTAGGCCCAAACCTAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGA
>HPV52_Alpha_397038_nt7081_L1_Tile|1
GCTAGGCCCAAACCTAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGAAGAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt7086_L1_Tile|1
GCCCAAACCTAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGAAGAAAAAGGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7091_L1_Tile|1
AACTAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGAAGAAAAAGGTTAAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt7096_L1_Tile|1
AAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGAAGAAAAAGGTTAAAAGGTAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5751_L1_Tile|1
TATATTTTATCATGCTGGAAGCTCTCGCTTGCTTACCGTGGGACATCCTTATTACCCCAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt5791_L1_Tile|1
GGACATCCTTATTACCCCATTTCTAAATCTGGTAAAGCAGACATCCCTAAGGTGTCTGCA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5796_L1_Tile|1
TCCTTATTACCCCATTTCTAAATCTGGTAAAGCAGACATCCCTAAGGTGTCTGCATTTCA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6136_L1_Tile|1
CCCGCTATAGGTGAACACTGGACAAAGGGTACGGCCTGTCGTTCCACACCTACTACAGCG
>HPV53_Alpha_9627377_nt6161_L1_Tile|1
AGGGTACGGCTGTCGTTCCACACCTACTACAGCGGGCGACTGCCCCCATTTGGAACCTTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6176_L1_Tile|1
GTTCCACACCTACTACAGCGGGCGACTGCCCCCATTTGGAACCTTATCAATTCACCTATTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt6251_L1_Tile|1
TGGACACAGGTTTTGGTGCATTAAACTTTAAAGCTTTGCAGGAATCTAAATCTGATGTGC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6441_L1_Tile|1
AGGCGTTATTGGTGAGGAAATACCTAATGACTTATATATTAAGGGTAGTAATGGCAGGGA

>HPV53_Alpha_9627377_nt6456_L1_Tile|1
GGAAATACCTAATGACTTATATATTAAGGGTAGTAATGGCAGGGACCCGCCCCCTAGCTC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6461_L1_Tile|1
TACCTAATGACTTATATATTAAGGGTAGTAATGGCAGGGACCCGCCCCCTAGCTCTGTAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6466_L1_Tile|1
AATGACTTATATATTAAGGGTAGTAATGGCAGGGACCCGCCCCCTAGCTCTGTATATGTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6816_L1_Tile|1
TTTACATACTATGAATTCTACCTTACTGGAAGACTGGAATATAGGTTTGTGCGCTCCTGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6821_L1_Tile|1
ATACTATGAATTCTACCTTACTGGAAGACTGGAATATAGGTTTGTGCGCTCCTGTTGCCA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6831_L1_Tile|1
TTCTACCTTACTGGAAGACTGGAATATAGGTTTGTGCGCTCCTGTTGCCACTAGCTTAGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6946_L1_Tile|1
CCTCCTGAAAAGCAGGACCCACTATCTAAATATAAATTTTGGGAGGTCAATTTGCAAAAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6966_L1_Tile|1
ACTATCTAAATATAAATTTTGGGAGGTCAATTTGCAAAACAGTTTTTCTGCTGATTTGGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6991_L1_Tile|1
GTCAATTTGCAAAACAGTTTTTCTGCTGATTTGGATCAGTTTTCTCTTGGCAGGAAGTTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6996_L1_Tile|1
TTTGCAAAACAGTTTTTCTGCTGATTTGGATCAGTTTTCTCTTGGCAGGAAGTTTTTAAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7081_L1_Tile|1
CCTGTATCCTCTAAAAACGCTCTGCTTCTACTACATCTACCTCAGCCCCCTCCTCCAAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7086_L1_Tile|1
ATCCTCTAAAAACGCTCTGCTTCTACTACATCTACCTCAGCCCCCTCCTCCAAGCGCAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5985_L1_Tile|1
ATGATACTGAAAATGCACCTAAATATGTTGGTGCAGGAGCTGACAATAGGGAAAATGTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5995_L1_Tile|1
AAATGCACCTAAATATGTTGGTGCAGGAGCTGACAATAGGGAAAATGTTAGCATGGACTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6085_L1_Tile|1
CACACCACCTATAGGTGAACACTGGGCTAAAGGCAACCTATGTACACCTAATACATTGGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6095_L1_Tile|1
ATAGGTGAACACTGGGCTAAAGGCAACCTATGTACACCTAATACATTGGCTGCTGGTGAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6215_L1_Tile|1
TTTGGGGCTATGGATTTTAAACCCCTACAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6220_L1_Tile|1
GGCTATGGATTTTAAACCCCTACAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6225_L1_Tile|1
TGGATTTTAAACCCCTACAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTACCTCAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6235_L1_Tile|1
AACCCTACAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTACCTCAATTTGTAAATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6240_L1_Tile|1
TACAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTACCTCAATTTGTAAATATCCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6250_L1_Tile|1
AAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTACCTCAATTTGTAAATATCCTGATTACCTTAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6415_L1_Tile|1
ACCTAATGACTTATACATTAAGAAATCCTCAGGTAACCTTGACAGTTCTATTTATGCTGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6585_L1_Tile|1
TTTTAACAGTTGTAGATACCACCCGTAGTACTAACCTAACATTGTGTGCTACAGCATCCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6605_L1_Tile|1
ACCCGTAGTACTAACCTAACATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6610_L1_Tile|1
TAGTACTAACCTAACATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6615_L1_Tile|1
CTAACCTAACATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6620_L1_Tile|1

CTAACATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTAGGGAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6625_L1_Tile|1
ATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTAGGGAGTATAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6635_L1_Tile|1
ACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTAGGGAGTATATTAGACATGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6725_L1_Tile|1
TTATGTACCATAACCCCTTACAGCAGATGTTATGGCCTATATTCATGGAATGAATCCCACT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6730_L1_Tile|1
TACCATAACCCCTTACAGCAGATGTTATGGCCTATATTCATGGAATGAATCCCACTATTCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6735_L1_Tile|1
TAACCCCTTACAGCAGATGTTATGGCCTATATTCATGGAATGAATCCCACTATTCTAGAGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6770_L1_Tile|1
GGAATGAATCCCACTATTCTAGAGGACTGGAACCTTTGGTATAACCCCCCAGCTACAAGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6805_L1_Tile|1
TGGTATAACCCCCCAGCTACAAGTAGTTTGGAGGACACATATAGGTTTGTACAGTCACA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6915_L1_Tile|1
CTTACAGTAAATTTAATTTTTGGACTGTTGACCTTAAGGAACGATTTTCATCTGACCTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6920_L1_Tile|1
AGTAAATTTAATTTTTGGACTGTTGACCTTAAGGAACGATTTTCATCTGACCTTGACCAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6925_L1_Tile|1
ATTTAATTTTTGGACTGTTGACCTTAAGGAACGATTTTCATCTGACCTTGACCAGTTTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6930_L1_Tile|1
ATTTTTGGACTGTTGACCTTAAGGAACGATTTTCATCTGACCTTGACCAGTTTCCCTTGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6990_L1_Tile|1
GTCGCAAGTTTTTTACTACAGGCTGGCCTACGTGCACGTCCGCGCCTTCGGCCTGTAAAGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6995_L1_Tile|1
AAGTTTTTTACTACAGGCTGGCCTACGTGCACGTCCGCGCCTTCGGCCTGTAAAGCGTGCA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6470_L1_Tile|1
ATAGGGCGGGAACGGTTGGAGAGGACATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6480_L1_Tile|1
AACGGTTGGAGAGGACATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6495_L1_Tile|1
CATTCCACAGGATTTGGTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGTTCCTAATGCCATATA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6705_L1_Tile|1
CATGACAATATGTGCTGCTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAATA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6715_L1_Tile|1
TGTGCTGCTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAATATAAAACAATAC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6720_L1_Tile|1
TGCTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAATATAAAACAATACATGCG
>HPV56_Alpha_397053_nt5708_L1_Tile|1
AGGCAGTTCACGATTGCTTGCCGTAGGACATCCCTATTACTCTGTGACTAAGGACAATAC
>HPV56_Alpha_397053_nt5713_L1_Tile|1
GTTTACGATTGCTTGCCGTAGGACATCCCTATTACTCTGTGACTAAGGACAATACCAAAA
>HPV56_Alpha_397053_nt5728_L1_Tile|1
CCGTAGGACATCCCTATTACTCTGTGACTAAGGACAATACCAAAAACAAACATTCCCAAAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6033_L1_Tile|1
ATATCAGTTGATGGCAAGCAAACACAGTTGTGTATTGTTGGATGTACTCCCGCTATGGGT
>HPV56_Alpha_397053_nt6058_L1_Tile|1
AGTTGTGTATTGTTGGATGTACTCCCGCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGT
>HPV56_Alpha_397053_nt6068_L1_Tile|1
TGTTGGATGTACTCCCGCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGTGTAAGTCCAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6073_L1_Tile|1
GATGTACTCCCGCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGTGTAAGTCCACACAAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6078_L1_Tile|1
ACTCCCGCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGTGTAAGTCCACACAAGTTACC

>HPV56_Alpha_397053_nt6083_L1_Tile|1
CGCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGTGTAAGTCCACACAAGTTACCACAGG
>HPV56_Alpha_397053_nt6108_L1_Tile|1
GGTGTGTGTGTAAGTCCACACAAGTTACCACAGGGGACTGCCCCGCTCTTGCAATTAATT
>HPV56_Alpha_397053_nt6118_L1_Tile|1
GTAAGTCCACACAAGTTACCACAGGGGACTGCCCCGCTCTTGCAATTAATTAATACACCTA
>HPV56_Alpha_397053_nt6128_L1_Tile|1
ACAAGTTACCACAGGGGACTGCCCCGCTCTTGCAATTAATTAATACACCTATAGAGGATGG
>HPV56_Alpha_397053_nt6368_L1_Tile|1
ACATTATTTTAATAGGGCTGGTAAAGTTGGGGAAACAATACCTGCAGAGTTATATTTAAA
>HPV56_Alpha_397053_nt6383_L1_Tile|1
GGCTGGTAAAGTTGGGGAAACAATACCTGCAGAGTTATATTTAAAGGGTAGCAATGGTAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6408_L1_Tile|1
CCTGCAGAGTTATATTTAAAGGGTAGCAATGGTAGAGAACCCCTCCGAGTTCTGTATAT
>HPV56_Alpha_397053_nt6413_L1_Tile|1
AGAGTTATATTTAAAGGGTAGCAATGGTAGAGAACCCCTCCGAGTTCTGTATATGTTGC
>HPV56_Alpha_397053_nt6588_L1_Tile|1
ACTGTAGTAGATACTACTAGAACTAACATGACTATTAGTACTGCTACAGAACAGTTA
>HPV56_Alpha_397053_nt6593_L1_Tile|1
AGTAGATACTACTAGAACTAACATGACTATTAGTACTGCTACAGAACAGTTAAGTAA
>HPV56_Alpha_397053_nt6608_L1_Tile|1
AAGTACTAACATGACTATTAGTACTGCTACAGAACAGTTAAGTAAATATGATGCACGAAA
>HPV56_Alpha_397053_nt6613_L1_Tile|1
CTAACATGACTATTAGTACTGCTACAGAACAGTTAAGTAAATATGATGCACGAAAAATTA
>HPV56_Alpha_397053_nt6618_L1_Tile|1
ATGACTATTAGTACTGCTACAGAACAGTTAAGTAAATATGATGCACGAAAAATTAATCAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6628_L1_Tile|1
GTACTGCTACAGAACAGTTAAGTAAATATGATGCACGAAAAATTAATCAGTACCTTAGAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6633_L1_Tile|1
GCTACAGAACAGTTAAGTAAATATGATGCACGAAAAATTAATCAGTACCTTAGACATGTG
>HPV56_Alpha_397053_nt6773_L1_Tile|1
GAATGCTAACCTACTGGAGGACTGGAATATTGGGTTATCCCCGCCAGTGGCCACCAGCCT
>HPV56_Alpha_397053_nt6778_L1_Tile|1
CTAACCTACTGGAGGACTGGAATATTGGGTTATCCCCGCCAGTGGCCACCAGCCTAGAAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6803_L1_Tile|1
TGGGTTATCCCCGCCAGTGGCCACCAGCCTAGAAGATAAATATAGATATGTTAGAAGCAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6808_L1_Tile|1
TATCCCCGCCAGTGGCCACCAGCCTAGAAGATAAATATAGATATGTTAGAAGCACAGCTA
>HPV56_Alpha_397053_nt6818_L1_Tile|1
AGTGGCCACCAGCCTAGAAGATAAATATAGATATGTTAGAAGCACAGCTATAACATGTCA
>HPV56_Alpha_397053_nt6988_L1_Tile|1
GAAAATTTTAAATGCAACTGGGCACTAGGTCAAAGCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGC
>HPV56_Alpha_397053_nt6993_L1_Tile|1
TTTTTAAATGCAACTGGGCACTAGGTCAAAGCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCT
>HPV56_Alpha_397053_nt6998_L1_Tile|1
AATGCAACTGGGCACTAGGTCAAAGCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCC
>HPV56_Alpha_397053_nt7013_L1_Tile|1
TAGGTCAAAGCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCCTACCTCCACCTCTAC
>HPV56_Alpha_397053_nt7023_L1_Tile|1
CCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCCTACCTCCACCTCTACACCAGCAAAA
>HPV57_Alpha_60882_nt5879_L1_Tile|1
TCACAGTAGGCCATCCATATTATTCTATAAAAAAAGTGGCAATAATAAGGTGTCTGTGC
>HPV57_Alpha_60882_nt5884_L1_Tile|1
GTAGGCCATCCATATTATTCTATAAAAAAAGTGGCAATAATAAGGTGTCTGTGCCCAAG
>HPV57_Alpha_60882_nt5894_L1_Tile|1

CATATTATTCTATAAAAAAAGTGGCAATAATAAGGTGTCTGTGCCCCAAGGTATCGGGCT
>HPV57_Alpha_60882_nt5989_L1_Tile|1
CCTAATAAGTTTGGTCTGCCTGATGCCAACCTCTATGATCCCGACACCCAGCGTCTGCTG
>HPV57_Alpha_60882_nt6094_L1_Tile|1
GTAGGGATATCCGGCCACCCTTATTATAACAAACAGGATGATACTGAAAATTCACACAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt6099_L1_Tile|1
GATATCCGGCCACCCTTATTATAACAAACAGGATGATACTGAAAATTCACACAATCCCGA
>HPV57_Alpha_60882_nt6349_L1_Tile|1
ACCGGGTTTCGGGGCGCTGGATTTTGGCGCTCTACAGTCCAACAAATCAGATGTCCCCTTG
>HPV57_Alpha_60882_nt6364_L1_Tile|1
CTGGATTTTGGCGCTCTACAGTCCAACAAATCAGATGTCCCCTTGGATATCTGTACTAAC
>HPV57_Alpha_60882_nt6369_L1_Tile|1
TTTTGCGCTCTACAGTCCAACAAATCAGATGTCCCCTTGGATATCTGTACTAACATATG
>HPV57_Alpha_60882_nt6389_L1_Tile|1
ACAAATCAGATGTCCCCTTGGATATCTGTACTAACATATGTAAATATCCAGACTATCTGA
>HPV57_Alpha_60882_nt6534_L1_Tile|1
TGGGTCGATGGGTGACGCCCTCCCGGATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGAC
>HPV57_Alpha_60882_nt6539_L1_Tile|1
CGATGGGTGACGCCCTCCCGGATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCG
>HPV57_Alpha_60882_nt6544_L1_Tile|1
GGTGACGCCCTCCCGGATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCGGTAGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6549_L1_Tile|1
CGCCCTCCCGGATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCGGTAGTTATGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6554_L1_Tile|1
TCCCGGATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCGGTAGTTATGTTTATA
>HPV57_Alpha_60882_nt6559_L1_Tile|1
GATGAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCGGTAGTTATGTTTATACCTCC
>HPV57_Alpha_60882_nt6564_L1_Tile|1
GCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCCGGTAGTTATGTTTATACCTCCACTCC
>HPV57_Alpha_60882_nt6754_L1_Tile|1
AGCACAAATGTCTCTTTGTGTGCCACTGTAACCACAGAACTAATTATAAAGCCTCCAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt6759_L1_Tile|1
AAATGTCTCTTTGTGTGCCACTGTAACCACAGAACTAATTATAAAGCCTCCAATTATAA
>HPV57_Alpha_60882_nt6944_L1_Tile|1
ACTTTGGTGTCCCCCACCCTCGTCCGCCAGCCTGCAGGACACCTACAGGTATTTGCAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt6984_L1_Tile|1
CACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGATAACATGTCAGAAGCCCACACCCCCCTAAGAC
>HPV58_Alpha_222386_nt5766_L1_Tile|1
ACTTTTGGCTGTTGGCAATCCATATTTTCCATCAAAAGTCCCAATAACAATAAAAAAGT
>HPV58_Alpha_222386_nt5776_L1_Tile|1
GTTGGCAATCCATATTTTCCATCAAAAGTCCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCC
>HPV58_Alpha_222386_nt5786_L1_Tile|1
CATATTTTCCATCAAAAGTCCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAG
>HPV58_Alpha_222386_nt5791_L1_Tile|1
TTTTCCATCAAAAGTCCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAGGCTTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5796_L1_Tile|1
CATCAAAAGTCCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAGGCTTACAGTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5801_L1_Tile|1
AAAGTCCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAGGCTTACAGTATAGGG
>HPV58_Alpha_222386_nt5806_L1_Tile|1
CCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAGGCTTACAGTATAGGGTCTTT
>HPV58_Alpha_222386_nt6166_L1_Tile|1
GCCTGTAACAATAATGCAGCTGCTACTGATTGTCTCCATTGGAACCTTTTAAATTCTATT
>HPV58_Alpha_222386_nt6431_L1_Tile|1
GGGCTGGAAACTTGGCGAGGCTGTCCCGGATGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATA

>HPV58_Alpha_222386_nt6436_L1_Tile|1
GGAAAACCTTGGCGAGGCTGTCCCGGATGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCA
>HPV58_Alpha_222386_nt6441_L1_Tile|1
ACTTGGCGAGGCTGTCCCGGATGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCAGTTAT
>HPV58_Alpha_222386_nt6446_L1_Tile|1
GCGAGGCTGTCCCGGATGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCAGTTATCCAAA
>HPV58_Alpha_222386_nt6456_L1_Tile|1
CCCGGATGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCAGTTATCCAAAGTAGTGCATT
>HPV58_Alpha_222386_nt6461_L1_Tile|1
ATGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCAGTTATCCAAAGTAGTGCATTTTTTTC
>HPV58_Alpha_222386_nt6466_L1_Tile|1
CTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCAGTTATCCAAAGTAGTGCATTTTTTCCAACT
>HPV58_Alpha_222386_nt7041_L1_Tile|1
GTTTTTATTACAATCAGGCCTTAAAGCAAAGCCCAGACTAAAACGTTTCGGCCCCCTACTAC
>HPV58_Alpha_222386_nt7046_L1_Tile|1
TATTACAATCAGGCCTTAAAGCAAAGCCCAGACTAAAACGTTTCGGCCCCCTACTACCCGTG
>HPV58_Alpha_222386_nt7051_L1_Tile|1
CAATCAGGCCTTAAAGCAAAGCCCAGACTAAAACGTTTCGGCCCCCTACTACCCGTGCACCA
>HPV58_Alpha_222386_nt7056_L1_Tile|1
AGGCCTTAAAGCAAAGCCCAGACTAAAACGTTTCGGCCCCCTACTACCCGTGCACCATCCAC
>HPV59_Alpha_557236_nt5647_L1_Tile|1
CTCCACCTTCGGTAGCTAAGGTTGTCAGCACTGATGAGTATGTCACCCGTACCAGTATTT
>HPV59_Alpha_557236_nt5652_L1_Tile|1
CCTTCGGTAGCTAAGGTTGTCAGCACTGATGAGTATGTCACCCGTACCAGTATTTTCTAC
>HPV59_Alpha_557236_nt5662_L1_Tile|2
CTAAGGTTGTCAGCACTGATGAGTATGTCACCCGTACCAGTATTTTCTACCACGCAGGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt5677_L1_Tile|1
CTGATGAGTATGTCACCCGTACCAGTATTTTCTACCACGCAGGCAGTTCAGACTTCTTA
>HPV59_Alpha_557236_nt5682_L1_Tile|2
GAGTATGTCACCCGTACCAGTATTTTCTACCACGCAGGCAGTTCAGACTTCTTACAGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt5722_L1_Tile|2
GTTCCAGACTTCTTACAGTTGGACATCCATATTTTAAAGTACCTAAAGGTGGTAATGGTA
>HPV59_Alpha_557236_nt5727_L1_Tile|1
AGACTTCTTACAGTTGGACATCCATATTTTAAAGTACCTAAAGGTGGTAATGGTAGACAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5842_L1_Tile|2
ATCCCAATAAATTTGGCCTTCCAGATAACACAGTATATGATCCTAACTCTCAACGCTTGG
>HPV59_Alpha_557236_nt5862_L1_Tile|2
CCAGATAACACAGTATATGATCCTAACTCTCAACGCTTGGTCTGGGCCTGTGTAGGTGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt5972_L1_Tile|1
ATATAATAAATTTGGATGACACTGAAAACCTCTCATGTAGCATCTGCTGTTGATACCAAAGA
>HPV59_Alpha_557236_nt5977_L1_Tile|1
ATAAATTGGATGACACTGAAAACCTCTCATGTAGCATCTGCTGTTGATACCAAAGATACAC
>HPV59_Alpha_557236_nt5982_L1_Tile|2
TTGGATGACACTGAAAACCTCTCATGTAGCATCTGCTGTTGATACCAAAGATACACGTGAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5987_L1_Tile|1
TGACACTGAAAACCTCTCATGTAGCATCTGCTGTTGATACCAAAGATACACGTGATAATGT
>HPV59_Alpha_557236_nt6002_L1_Tile|2
TCATGTAGCATCTGCTGTTGATACCAAAGATACACGTGATAATGTATCTGTGGATTATAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6117_L1_Tile|1
AAGGGCACTGCTTGTAAGCCTACTACTGTGGTTCAGGGCGATTGTCCCTCCACTAGAATTA
>HPV59_Alpha_557236_nt6127_L1_Tile|1
CTTGTAAGCCTACTACTGTGGTTCAGGGCGATTGTCCCTCCACTAGAATTAATAAATACAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6417_L1_Tile|1
CTTCCTGAATCACTATATATTAAAGGTACTGACATACGTGCCAACCCAGGCAGTTATTTA
>HPV59_Alpha_557236_nt6422_L1_Tile|2

TGAATCACTATATATTAAAGGTACTGACATACGTGCCAACCCAGGCAGTTATTTATATTC
>HPV59_Alpha_557236_nt6427_L1_Tile|1
CACTATATATTTAAAGGTACTGACATACGTGCCAACCCAGGCAGTTATTTATATTCCTT
>HPV59_Alpha_557236_nt6432_L1_Tile|1
TATATTAAAGGTACTGACATACGTGCCAACCCAGGCAGTTATTTATATTCCTTCCCCA
>HPV59_Alpha_557236_nt6442_L1_Tile|2
GTACTGACATACGTGCCAACCCAGGCAGTTATTTATATTCCTTCCCCAAGTGGGTCTG
>HPV59_Alpha_557236_nt6602_L1_Tile|2
AGTTGTAGATACTACTCGCAGCACCAATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt6607_L1_Tile|1
TAGATACTACTCGCAGCACCAATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCCTA
>HPV59_Alpha_557236_nt6612_L1_Tile|1
ACTACTCGCAGCACCAATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCCTAATGTA
>HPV59_Alpha_557236_nt6617_L1_Tile|1
TCGCAGCACCAATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCCTAATGTATACAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6627_L1_Tile|1
AATCTTTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCCTAATGTATACACACCTACCAGT
>HPV59_Alpha_557236_nt6632_L1_Tile|1
TTCTGTGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6637_L1_Tile|1
TGTGTGCTTCTACTACTTCTTCTATTCCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTAAAGAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt6642_L1_Tile|2
GCTTCTACTACTTCTTCTATTCCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTAAAGAATATGCC
>HPV59_Alpha_557236_nt6652_L1_Tile|1
CTTCTTCTATTCCTAATGTATACACACCTACCAGTTTTAAAGAATATGCCAGACATGTGG
>HPV59_Alpha_557236_nt6737_L1_Tile|1
TCAACTGTGTAATAACATTAACCTACAGAGGTAATGTCATACATTCATAATATGAATAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6742_L1_Tile|2
TGTGTAATAATAACATTAACCTACAGAGGTAATGTCATACATTCATAATATGAATACCACTA
>HPV59_Alpha_557236_nt6817_L1_Tile|1
ATTTTGGTGTTACACCACCTCCTACTGCTAGTTTAGTTGACACATACCGTTTTGTTCAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt6822_L1_Tile|2
GGTGTTACACCACCTCCTACTGCTAGTTTAGTTGACACATACCGTTTTGTTCAATCTGCT
>HPV59_Alpha_557236_nt6827_L1_Tile|1
TACACCACCTCCTACTGCTAGTTTAGTTGACACATACCGTTTTGTTCAATCTGCTGCTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt6832_L1_Tile|1
CACCTCCTACTGCTAGTTTAGTTGACACATACCGTTTTGTTCAATCTGCTGCTGTAACCT
>HPV59_Alpha_557236_nt6842_L1_Tile|2
TGCTAGTTTAGTTGACACATACCGTTTTGTTCAATCTGCTGCTGTAACCTGTCAAAGGA
>HPV59_Alpha_557236_nt6862_L1_Tile|2
ACCGTTTTGTTCAATCTGCTGCTGTAACCTGTCAAAGGACACCGCACCGCCAGTTAAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6867_L1_Tile|1
TTTGTTCAATCTGCTGCTGTAACCTGTCAAAGGACACCGCACCGCCAGTTAAACAGGAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6882_L1_Tile|2
GCTGTAACCTGTCAAAGGACACCGCACCGCCAGTTAAACAGGACCCTTATGACAAACTA
>HPV59_Alpha_557236_nt6887_L1_Tile|1
AACTTGTCAAAGGACACCGCACCGCCAGTTAAACAGGACCCTTATGACAAACTAAAGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt6892_L1_Tile|1
GTCAAAGGACACCGCACCGCCAGTTAAACAGGACCCTTATGACAAACTAAAGTTTTGGC
>HPV59_Alpha_557236_nt6907_L1_Tile|1
CACCGCCAGTTAAACAGGACCCTTATGACAAACTAAAGTTTTGGCCTGTAGATCTTAAGG
>HPV59_Alpha_557236_nt6912_L1_Tile|1
CCAGTTAAACAGGACCCTTATGACAAACTAAAGTTTTGGCCTGTAGATCTTAAGGAAAGG
>HPV59_Alpha_557236_nt7042_L1_Tile|2
CCACTATAGGCCACGCAAACGTGCAGCGCCTGCCCTACCTCTACCCCATCACCAAAAC

>HPV59_Alpha_557236_nt7057_L1_Tile|1
GCAAACGTGCAGCGCCTGCCCTACCTCTACCCCATCACCAAACGTGTTAAGCGTCGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5401_L1_Tile|1
TCTTTGGTTGCAGACAGCTGGACAATTGTATCTTCCACCAAGCAAGCCTGTTGCTCGTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5411_L1_Tile|1
CAGACAGCTGGACAATTGTATCTTCCACCAAGCAAGCCTGTTGCTCGTGTACTCAGTACG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5436_L1_Tile|1
CACCAAGCAAGCCTGTTGCTCGTGTACTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5441_L1_Tile|1
AGCAAGCCTGTTGCTCGTGTACTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5446_L1_Tile|1
GCCTGTTGCTCGTGTACTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5451_L1_Tile|1
TTGCTCGTGTACTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTCATACAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5456_L1_Tile|1
CGTGTACTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTCATACAGGAACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5461_L1_Tile|1
ACTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTCATACAGGAACTGACAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5466_L1_Tile|1
GTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTCATACAGGAACTGACAGAATGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5471_L1_Tile|1
GATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTCATACAGGAACTGACAGAATGCTAATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5476_L1_Tile|1
ATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTTTTCATACAGGAACTGACAGAATGCTAATTGTAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5486_L1_Tile|1
CCAACAAATTTAGTTTTTCATACAGGAACTGACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5491_L1_Tile|1
AAATTTAGTTTTTCATACAGGAACTGACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5496_L1_Tile|1
TAGTTTTTCATACAGGAACTGACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5501_L1_Tile|1
TTTCATACAGGAACTGACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5506_L1_Tile|1
TACAGGAACTGACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5511_L1_Tile|1
GAACTGACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5516_L1_Tile|1
GACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5521_L1_Tile|1
AATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5526_L1_Tile|1
TAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5531_L1_Tile|1
GTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5536_L1_Tile|1
ACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5541_L1_Tile|1
CTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5546_L1_Tile|1
TTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAAATCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5551_L1_Tile|1
TATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAAATCAGTTTAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5556_L1_Tile|1
TAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAAATCAGTTTAGAGTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5561_L1_Tile|1

AGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAATCAGTTTAGAGTTATGCGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5566_L1_Tile|1
TTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAATCAGTTTAGAGTTATGCGACTACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5571_L1_Tile|1
ATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAATCAGTTTAGAGTTATGCGACTACTATTTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5601_L1_Tile|1
ATCAGTTTAGAGTTATGCGACTACTATTTCCAGATCCAAACAAATTTGCAATGATAGACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5606_L1_Tile|1
TTTAGAGTTATGCGACTACTATTTCCAGATCCAAACAAATTTGCAATGATAGACAGAGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5611_L1_Tile|1
AGTTATGCGACTACTATTTCCAGATCCAAACAAATTTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5616_L1_Tile|1
TGCGACTACTATTTCCAGATCCAAACAAATTTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5626_L1_Tile|1
ATTTCCAGATCCAAACAAATTTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5631_L1_Tile|1
CAGATCCAAACAAATTTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5636_L1_Tile|1
CCAAACAAATTTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5641_L1_Tile|1
CAAATTTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5646_L1_Tile|1
TTGCAATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGATTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5651_L1_Tile|1
ATGATAGACAGAGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGATTGGAAGGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5661_L1_Tile|1
GAGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGATTGGAAGGCCTTGAAATTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5666_L1_Tile|1
GTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGATTGGAAGGCCTTGAAATTGGTAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5671_L1_Tile|1
TAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGATTGGAAGGCCTTGAAATTGGTAGAGGTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5676_L1_Tile|1
CAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGATTGGAAGGCCTTGAAATTGGTAGAGGTGGGCCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5761_L1_Tile|1
ATTATTTAATAAATATGGAGATACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5766_L1_Tile|1
TTAATAAATATGGAGATACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAATGGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5771_L1_Tile|1
AAATATGGAGATACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAATGGTGATGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5776_L1_Tile|1
TGGAGATACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAATGGTGATGACAATAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5781_L1_Tile|1
ATACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAATGGTGATGACAATAGAATGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5786_L1_Tile|1
GAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAATGGTGATGACAATAGAATGGATGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5796_L1_Tile|1
CCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAATGGTGATGACAATAGAATGGATGTTTCAATGGATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5806_L1_Tile|1
TTTAAAGCAGAATAATGGTGATGACAATAGAATGGATGTTTCAATGGATCCAAAACAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5811_L1_Tile|1
AGCAGAATAATGGTGATGACAATAGAATGGATGTTTCAATGGATCCAAAACAAATGCAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5816_L1_Tile|1
AATAATGGTGATGACAATAGAATGGATGTTTCAATGGATCCAAAACAAATGCAATTGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5831_L1_Tile|1
AATAGAATGGATGTTTCAATGGATCCAAAACAAATGCAATTGTTTATTGTAGGATGTAA

>HPV60_Gamma_9628566_nt5836_L1_Tile|1
AATGGATGTTTCAATGGATCCAAAACAAATGCAATTGTTTATTGTAGGATGTAAACCAGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5841_L1_Tile|1
ATGTTTCAATGGATCCAAAACAAATGCAATTGTTTATTGTAGGATGTAAACCAGCCACTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5866_L1_Tile|1
GCAATTGTTTATTGTAGGATGTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGGGATATTGCTAAACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5881_L1_Tile|1
AGGATGTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGGGATATTGCTAAACCTTGTGATCCTGCTCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5886_L1_Tile|1
GTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGGGATATTGCTAAACCTTGTGATCCTGCTCCAGCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5906_L1_Tile|1
CACTGGGATATTGCTAAACCTTGTGATCCTGCTCCAGCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5911_L1_Tile|1
GGATATTGCTAAACCTTGTGATCCTGCTCCAGCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5921_L1_Tile|1
AAACCTTGTGATCCTGCTCCAGCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATTAACACAGTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5926_L1_Tile|1
TTGTGATCCTGCTCCAGCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATTAACACAGTCTATAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5941_L1_Tile|1
AGCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATTAACACAGTCTATAATTCAGGACGGTGAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5946_L1_Tile|1
AAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATTAACACAGTCTATAATTCAGGACGGTGAAATGTGCG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5961_L1_Tile|1
CAATTAATTAACACAGTCTATAATTCAGGACGGTGAAATGTGCGATACAGGCTTTGGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5966_L1_Tile|1
AAATTAACACAGTCTATAATTCAGGACGGTGAAATGTGCGATACAGGCTTTGGAAATGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5976_L1_Tile|1
AGTCTATAATTCAGGACGGTGAAATGTGCGATACAGGCTTTGGAAATGCAAATTTTATTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5991_L1_Tile|1
ACGGTGAAATGTGCGATACAGGCTTTGGAAATGCAAATTTTATTACCTTGCAAGAAGATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5996_L1_Tile|1
GAAATGTGCGATACAGGCTTTGGAAATGCAAATTTTATTACCTTGCAAGAAGATAAATCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6011_L1_Tile|1
GGCTTTGGAAATGCAAATTTTATTACCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTTCTCTAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6016_L1_Tile|1
TGGAAATGCAAATTTTATTACCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTTCTCTAGATATTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6021_L1_Tile|1
ATGCAAATTTTATTACCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTTCTCTAGATATTACCAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6026_L1_Tile|1
AATTTTATTACCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTTCTCTAGATATTACCAATGAAATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6031_L1_Tile|1
TATTACCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTTCTCTAGATATTACCAATGAAATTTGTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6036_L1_Tile|1
CCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTTCTCTAGATATTACCAATGAAATTTGTAAATATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6056_L1_Tile|1
GGTGTTCCTCTAGATATTACCAATGAAATTTGTAAATATCCTGATTTACTAAAAATGACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6061_L1_Tile|1
TCCTCTAGATATTACCAATGAAATTTGTAAATATCCTGATTTACTAAAAATGACAAAAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6066_L1_Tile|1
TAGATATTACCAATGAAATTTGTAAATATCCTGATTTACTAAAAATGACAAAAGATATCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6081_L1_Tile|1
AAATTTGTAAATATCCTGATTTACTAAAAATGACAAAAGATATCTATGGAGATGCAGTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6136_L1_Tile|1
AGTATTTTCTTTGGTAAACGTGAACAAATTTATTCAGGCATTATTTTGTAAAGAGGAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6146_L1_Tile|1

TTTGGTAAACGTGAACAAATTTATTCCAGGCATTATTTTGTAAAGAGGAGGGATAGATGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6151_L1_Tile|1
TAAACGTGAACAAATTTATTCCAGGCATTATTTTGTAAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6156_L1_Tile|1
GTGAACAAATTTATTCCAGGCATTATTTTGTAAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6166_L1_Tile|1
TTATTCCAGGCATTATTTTGTAAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6171_L1_Tile|1
CCAGGCATTATTTTGTAAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6181_L1_Tile|1
TTTTGTAAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6186_L1_Tile|1
TAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6191_L1_Tile|1
GGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAACTGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6196_L1_Tile|1
GATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAACTGATAAACCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6201_L1_Tile|1
ATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAACTGATAAACCTCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6206_L1_Tile|1
GATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAACTGATAAACCTCAAAATAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6211_L1_Tile|1
TTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6216_L1_Tile|1
CAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6221_L1_Tile|1
TCTGGATATTACTTAGCACCACAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6226_L1_Tile|1
ATATTACTTAGCACCACAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6231_L1_Tile|1
ACTTAGCACCACAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6241_L1_Tile|1
ACAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6246_L1_Tile|1
CTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6251_L1_Tile|1
AAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6256_L1_Tile|1
TCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCTTCTAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6261_L1_Tile|1
ATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCTTCTAGTGATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6271_L1_Tile|1
TGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCTTCTAGTGATAATCAACTTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6276_L1_Tile|1
ATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCTTCTAGTGATAATCAACTTTTTAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6281_L1_Tile|1
TACTTCCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCTTCTAGTGATAATCAACTTTTTAATAGACCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6286_L1_Tile|1
CCCTACACCAAGTGGTTCTGTAGCTTCTAGTGATAATCAACTTTTTAATAGACCTTATTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6306_L1_Tile|1
TAGCTTCTAGTGATAATCAACTTTTTAATAGACCTTATTGGCTTCACAGAGCCCAAGGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6376_L1_Tile|1
TATTTGTTGGGGTAACCAATTATTCATTACTATAGTAGATAATACTCGAAATACTAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6381_L1_Tile|1
GTTGGGGTAACCAATTATTCATTACTATAGTAGATAATACTCGAAATACTAATTTATCTA

>HPV60_Gamma_9628566_nt6386_L1_Tile|1
GGTAACCAATTATTCTATTACTATAGTAGATAAATACTCGAAATACTAATTTATCTATTTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6391_L1_Tile|1
CCAATTATTCTATTACTATAGTAGATAAATACTCGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6401_L1_Tile|1
ATTACTATAGTAGATAAATACTCGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6406_L1_Tile|1
TATAGTAGATAAATACTCGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6411_L1_Tile|1
TAGATAAATACTCGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGCTATTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6416_L1_Tile|1
AATACTCGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGCTATTGATAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6421_L1_Tile|1
TCGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGCTATTGATAACAGATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6426_L1_Tile|1
ATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGCTATTGATAACAGATATAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6431_L1_Tile|1
AATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGCTATTGATAACAGATATAAATATAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6476_L1_Tile|1
AGATATAAATATAAACAGGAAGATTTTAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6481_L1_Tile|1
TAAATATAAACAGGAAGATTTTAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6486_L1_Tile|1
ATAAACAGGAAGATTTTAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6491_L1_Tile|1
CAGGAAGATTTTAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6496_L1_Tile|1
AGATTTTAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6506_L1_Tile|1
CAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6511_L1_Tile|1
TTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6516_L1_Tile|1
GCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6521_L1_Tile|1
ACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6526_L1_Tile|1
AGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGATGTTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6531_L1_Tile|1
ATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGATGTTCTAGCTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6536_L1_Tile|1
GTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGATGTTCTAGCTCATTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6541_L1_Tile|1
GTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGATGTTCTAGCTCATTTAAATGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6631_L1_Tile|1
ACTTTCATTTGTACCTCCACCACCACAAGGTATTGAAGATGCTTACAGATATATAATGTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6641_L1_Tile|1
GTACCTCCACCACCACAAGGTATTGAAGATGCTTACAGATATATAATGTCTCAGGCAACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6666_L1_Tile|1
AAGATGCTTACAGATATATAATGTCTCAGGCAACAATGTGTCCAACAGATGTTCCCTAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6671_L1_Tile|1
GCTTACAGATATATAATGTCTCAGGCAACAATGTGTCCAACAGATGTTCCCTAATACTGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6676_L1_Tile|1
CAGATATATAATGTCTCAGGCAACAATGTGTCCAACAGATGTTCCCTAATACTGAAAGGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6691_L1_Tile|1

TCAGGCAACAATGTGTCCAACAGATGTTCTAATACTGAAAGGGAAGACCCTTATAAACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6696_L1_Tile|1
CAACAATGTGTCCAACAGATGTTCTAATACTGAAAGGGAAGACCCTTATAAACAGTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6726_L1_Tile|1
CTGAAAGGGAAGACCCTTATAAACAGTATACATTTTGGACAATAGATTTGCAAGAACGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6741_L1_Tile|1
CTTATAAACAGTATACATTTTGGACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6746_L1_Tile|1
AAACAGTATACATTTTGGACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTATCCCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6751_L1_Tile|1
GTATACATTTTGGACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTATCCCAGTTTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6756_L1_Tile|1
CATTTTGGACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTATCCCAGTTTTCTCTTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6761_L1_Tile|1
TGGACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTATCCCAGTTTTCTCTTGGAAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6811_L1_Tile|1
TCTTGGAAAAAGATATTTATATCAGTATGGCTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6816_L1_Tile|1
GAAAAGATATTTATATCAGTATGGCTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6821_L1_Tile|1
AGATATTTATATCAGTATGGCTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6826_L1_Tile|1
TTTATATCAGTATGGCTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6831_L1_Tile|1
ATCAGTATGGCTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAAGAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6836_L1_Tile|1
TATGGCTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAAGAAATCAAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6841_L1_Tile|1
CTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAAGAAATCAAAAACGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6846_L1_Tile|1
TTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAAGAAATCAAAAACGTGAAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6851_L1_Tile|1
GGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAAGAAATCAAAAACGTGAAACGTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6861_L1_Tile|1
GGTCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAAGAAATCAAAAACGTGAAACGTAAAGAACTAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6863_L1_Tile|1
TCTGCTAGTAGTTTTGTAACGAAGAAATCAAAAACGTGAAACGTAAAGAACTAAATAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5880_L1_Tile|1
GTTCCCGTCTGCTTACTGTAGGACATCCCTATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt5890_L1_Tile|1
GCTTACTGTAGGACATCCCTATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGGGCAAGAAAAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5895_L1_Tile|1
CTGTAGGACATCCCTATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGGGCAAGAAAAACACTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5900_L1_Tile|1
GGACATCCCTATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGGGCAAGAAAAACACTATCCCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5910_L1_Tile|1
ATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGGGCAAGAAAAACACTATCCCCAAGGTGTCTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6195_L1_Tile|1
GTCGTGACAATGTGTCTGTTGATTATAAGCAGACCCAGCTACTTATTGTAGTTGCAAAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt6285_L1_Tile|1
CTGCTTGTGCTAACCCCGCGCCCCGCCCCACTGACTGTCCTCCATTGGAATTTACAAATA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6550_L1_Tile|1
CAATCGCCAGGGTGTGATGGGTGAGGCACTGCCTGACTCTTATTATCTTAAGGGTGCGAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6585_L1_Tile|1
ACTCTTATTATCTTAAGGGTGCGAATGACAAGGCGCCCCCTGGTAGTTATATTTATTC

>HPV61_Alpha_9628574_nt6780_L1_Tile|1
GCAGTACTAATTTAACCATTTGTACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6785_L1_Tile|1
ACTAATTTAACCATTTGTACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACAAGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt6790_L1_Tile|1
TTTAACCATTTGTACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACAAGCTTTAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6795_L1_Tile|1
CCATTTGTACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACAAGCTTTAGGGAAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6800_L1_Tile|1
TGTACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACAAGCTTTAGGGAATATTTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6805_L1_Tile|1
TGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACAAGCTTTAGGGAATATTTGCGCCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6810_L1_Tile|1
CATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACAAGCTTTAGGGAATATTTGCGCCATACAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6820_L1_Tile|1
TGTATCTGAATATAAAGCCACAAGCTTTAGGGAATATTTGCGCCATACAGAGGAGTTTGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6985_L1_Tile|1
GGTACCACCACCTCTACCAGTTTAGAAGACACATATAGGTTTTTGCAGTCCAGAGCTAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6163_L1_Tile|1
CAGAAAATACCTCTTTGTTGGCTGCTGCTAATGATGACAGTCGGGACAATATCTCTGTGG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6168_L1_Tile|1
AATACCTCTTTGTTGGCTGCTGCTAATGATGACAGTCGGGACAATATCTCTGTGGATTAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6238_L1_Tile|1
AGTTGTTAATTGTGGGGTGTAAAGCCCCCTATAGGAGAGCACTGGACCAAAGGTACCTTAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6243_L1_Tile|1
TTAATTGTGGGGTGTAAAGCCCCCTATAGGAGAGCACTGGACCAAAGGTACCTTATGCCCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6248_L1_Tile|1
TGTGGGGTGTAAAGCCCCCTATAGGAGAGCACTGGACCAAAGGTACCTTATGCCCCAATGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6253_L1_Tile|1
GGTGTAAAGCCCCCTATAGGAGAGCACTGGACCAAAGGTACCTTATGCCCCAATGCTGCCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6588_L1_Tile|1
CCCCTGACCTGTATATGAAAGGTACCCCAGGCAGTGACAGACAAATGCCGGGCAGTTAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6593_L1_Tile|1
TGACCTGTATATGAAAGGTACCCCAGGCAGTGACAGACAAATGCCGGGCAGTTACATTTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6603_L1_Tile|1
ATGAAAGGTACCCCAGGCAGTGACAGACAAATGCCGGGCAGTTACATTTATGCCCCACT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7073_L1_Tile|1
TGCTTCCCCGTCCCCAAGGTGGACCCGTATGCGCAAATGACATTTTGGACTGTGGATCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7230_L1_Tile|1
AAGCGTTCTGCACCTACTAAGCAGTCCCCTACCTCTGCTAAACGAAAGCGCAGGAAGTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5372_L1_Tile|1
ATGGCTGTTTGGCTTCCTGCCCAGAATAAGTTTTACCTTCCTACCCAACCGATCACCAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5377_L1_Tile|1
TGTTTGGCTTCCTGCCCAGAATAAGTTTTACCTTCCTACCCAACCGATCACCAAGATTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt5392_L1_Tile|1
CCAGAATAAGTTTTACCTTCCTACCCAACCGATCACCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTA
>HPV63_Mu_9626605_nt5397_L1_Tile|1
ATAAGTTTTACCTTCCTACCCAACCGATCACCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5407_L1_Tile|1
CCTTCCTACCCAACCGATCACCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGTCTCGCACCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5412_L1_Tile|1
CTACCCAACCGATCACCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGTCTCGCACCAACATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt5417_L1_Tile|1
CAACCGATCACCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGTCTCGCACCAACATCTTCTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5422_L1_Tile|2

GATCACCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGTCTCGCACCAACATCTTCTATCACGC
>HPV63_Mu_9626605_nt5427_L1_Tile|1
CCAAGATTCTAAGCAGCGATGATTATGTGTCTCGCACCAACATCTTCTATCACGCTACCA
>HPV63_Mu_9626605_nt5442_L1_Tile|2
GCGATGATTATGTGTCTCGCACCAACATCTTCTATCACGCTACCAGTGATCGACTGCTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt5447_L1_Tile|1
GATTATGTGTCTCGCACCAACATCTTCTATCACGCTACCAGTGATCGACTGCTCATTGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt5462_L1_Tile|2
ACCAACATCTTCTATCACGCTACCAGTGATCGACTGCTCATTGTGGGACACCCGCTCTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5467_L1_Tile|1
CATCTTCTATCACGCTACCAGTGATCGACTGCTCATTGTGGGACACCCGCTCTATGAGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5472_L1_Tile|1
TCTATCACGCTACCAGTGATCGACTGCTCATTGTGGGACACCCGCTCTATGAGGTTACCC
>HPV63_Mu_9626605_nt5487_L1_Tile|1
GTGATCGACTGCTCATTGTGGGACACCCGCTCTATGAGGTTACCCGTGCAAATGATAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt5492_L1_Tile|1
CGACTGCTCATTGTGGGACACCCGCTCTATGAGGTTACCCGTGCAAATGATAACACTATG
>HPV63_Mu_9626605_nt5497_L1_Tile|1
GCTCATTGTGGGACACCCGCTCTATGAGGTTACCCGTGCAAATGATAACACTATGACTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5512_L1_Tile|1
CCCGCTCTATGAGGTTACCCGTGCAAATGATAACACTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt5517_L1_Tile|1
TCTATGAGGTTACCCGTGCAAATGATAACACTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCCAAATC
>HPV63_Mu_9626605_nt5522_L1_Tile|2
GAGGTTACCCGTGCAAATGATAACACTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCCAAATCAGTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5532_L1_Tile|1
GTGCAAATGATAACACTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCCAAATCAGTATAGAGTCTTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt5537_L1_Tile|1
AATGATAACACTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCCAAATCAGTATAGAGTCTTTCGTGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt5542_L1_Tile|2
TAACACTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCCAAATCAGTATAGAGTCTTTCGTGTTAGATT
>HPV63_Mu_9626605_nt5547_L1_Tile|1
CTATGACTGTGCCTAAAGTTTCTCCAAATCAGTATAGAGTCTTTCGTGTTAGATTTCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5577_L1_Tile|1
AGTATAGAGTCTTTCGTGTTAGATTTCAGATCCTAACCGATTTGCCTTTGGAGATAAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5582_L1_Tile|2
AGAGTCTTTCGTGTTAGATTTCAGATCCTAACCGATTTGCCTTTGGAGATAAGGATATT
>HPV63_Mu_9626605_nt5622_L1_Tile|2
CCTTTGGAGATAAGGATATTTTTGACCCAGAAACTGAGAGACTAGTTTGGGGTCTTAGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5627_L1_Tile|1
GGAGATAAGGATATTTTTGACCCAGAAACTGAGAGACTAGTTTGGGGTCTTAGAGGCATA
>HPV63_Mu_9626605_nt5632_L1_Tile|1
TAAGGATATTTTTGACCCAGAAACTGAGAGACTAGTTTGGGGTCTTAGAGGCATAGAAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5637_L1_Tile|1
ATATTTTTGACCCAGAAACTGAGAGACTAGTTTGGGGTCTTAGAGGCATAGAAATCGGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt5712_L1_Tile|1
GTGTGGGTATTTTCAGGCAATCCATTATTAAATAGGTTTGATGATGCTGAAAATCCTAGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt5722_L1_Tile|2
TTCAGGCAATCCATTATTAAATAGGTTTGATGATGCTGAAAATCCTAGCAGATATAATAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5727_L1_Tile|1
GCAATCCATTATTAAATAGGTTTGATGATGCTGAAAATCCTAGCAGATATAATAATACAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5732_L1_Tile|1
CCATTATTAAATAGGTTTGATGATGCTGAAAATCCTAGCAGATATAATAATACACATGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt5742_L1_Tile|2
ATAGGTTTGATGATGCTGAAAATCCTAGCAGATATAATAATACACATGCAACTGGTGATA

>HPV63_Mu_9626605_nt5747_L1_Tile|1
TTTGATGATGCTGAAAATCCTAGCAGATATAATAATACACATGCAACTGGTGATAATAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5757_L1_Tile|1
CTGAAAATCCTAGCAGATATAATAATACACATGCAACTGGTGATAATAGGCAAAATGTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt5762_L1_Tile|2
AATCCTAGCAGATATAATAATACACATGCAACTGGTGATAATAGGCAAAATGTTGCTTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt5792_L1_Tile|1
ACTGGTGATAATAGGCAAAATGTTGCTTTTGGATGCAAAACAAACCCAAATGTTTCTAATT
>HPV63_Mu_9626605_nt5852_L1_Tile|1
GGCTGTACACCAGCCACTGGGGAACACTGGTCAATAGCTCGACGCTGTGCAGGAACACAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5857_L1_Tile|1
TACACCAGCCACTGGGGAACACTGGTCAATAGCTCGACGCTGTGCAGGAACACAGTTTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt5872_L1_Tile|1
GGAACACTGGTCAATAGCTCGACGCTGTGCAGGAACACAGTTTCAGCTTGGAGATTGTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt5877_L1_Tile|1
ACTGGTCAATAGCTCGACGCTGTGCAGGAACACAGTTTCAGCTTGGAGATTGTCCTCCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt5967_L1_Tile|1
GTGATATGTTTGACATAGGTCTAGGTGCTATGGACTTTGGTTCTTTGCAAGCAAACAAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5972_L1_Tile|1
ATGTTTGACATAGGTCTAGGTGCTATGGACTTTGGTTCTTTGCAAGCAAACAAAGCAGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5977_L1_Tile|1
TGACATAGGTCTAGGTGCTATGGACTTTGGTTCTTTGCAAGCAAACAAAGCAGATGCTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt5982_L1_Tile|2
TAGGTCTAGGTGCTATGGACTTTGGTTCTTTGCAAGCAAACAAAGCAGATGCTCCTTTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5992_L1_Tile|1
TGCTATGGACTTTGGTTCTTTGCAAGCAAACAAAGCAGATGCTCCTTTGGATATTGCAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5997_L1_Tile|1
TGGACTTTGGTTCTTTGCAAGCAAACAAAGCAGATGCTCCTTTGGATATTGCAGGCACTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6002_L1_Tile|2
TTTGGTTCTTTGCAAGCAAACAAAGCAGATGCTCCTTTGGATATTGCAGGCACTGTCTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6072_L1_Tile|1
ATTATATTAAAATGGGACAGGAAGTACATGGTAATTCTCTGTTTTTCTTTGCTCGCAGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6077_L1_Tile|1
ATTTAAAATGGGACAGGAAGTACATGGTAATTCTCTGTTTTTCTTTGCTCGCAGAGAACAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6082_L1_Tile|2
AATGGGACAGGAAGTACATGGTAATTCTCTGTTTTTCTTTGCTCGCAGAGAACAAATGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6087_L1_Tile|1
GACAGGAAGTACATGGTAATTCTCTGTTTTTCTTTGCTCGCAGAGAACAAATGTATTTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6112_L1_Tile|1
GTTTTTCTTTGCTCGCAGAGAACAAATGTATTTAAGGCATGTATTTACACATGCTGGAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6117_L1_Tile|1
TCTTTGCTCGCAGAGAACAAATGTATTTAAGGCATGTATTTACACATGCTGGAATTGTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6122_L1_Tile|2
GCTCGCAGAGAACAAATGTATTTAAGGCATGTATTTACACATGCTGGAATTGTTAGTGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6127_L1_Tile|1
CAGAGAACAAATGTATTTAAGGCATGTATTTACACATGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6132_L1_Tile|1
AACAAATGTATTTAAGGCATGTATTTACACATGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6137_L1_Tile|1
ATGTATTTAAGGCATGTATTTACACATGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCT
>HPV63_Mu_9626605_nt6142_L1_Tile|2
TTTAAGGCATGTATTTACACATGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6147_L1_Tile|1
GGCATGTATTTACACATGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6152_L1_Tile|1

GTATTTACACATGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATT
>HPV63_Mu_9626605_nt6157_L1_Tile|1
TACACATGCTGGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATTGCTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6167_L1_Tile|1
GGAATTGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATTGCTGCTAAAGCCGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6172_L1_Tile|1
TGTTAGTGAAAAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATTGCTGCTAAAGCCGAGCAACC
>HPV63_Mu_9626605_nt6182_L1_Tile|2
AAAGAGAAAGTCCCTACCAGTGCATATATTGCTGCTAAAGCCGAGCAACCCCAAAATACT
>HPV63_Mu_9626605_nt6187_L1_Tile|1
GAAAGTCCCTACCAGTGCATATATTGCTGCTAAAGCCGAGCAACCCCAAAATACTATTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6192_L1_Tile|1
TCCCTACCAGTGCATATATTGCTGCTAAAGCCGAGCAACCCCAAAATACTATTGCTACAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6202_L1_Tile|2
TGCATATATTGCTGCTAAAGCCGAGCAACCCCAAAATACTATTGCTACAGATAATTATTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6212_L1_Tile|1
GCTGCTAAAGCCGAGCAACCCCAAAATACTATTGCTACAGATAATTATTTTGTAGCTCCC
>HPV63_Mu_9626605_nt6217_L1_Tile|1
TAAAGCCGAGCAACCCCAAAATACTATTGCTACAGATAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt6222_L1_Tile|2
CCGAGCAACCCCAAAATACTATTGCTACAGATAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6227_L1_Tile|1
CAACCCCAAAATACTATTGCTACAGATAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTTTAGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6237_L1_Tile|1
ATACTATTGCTACAGATAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTTTAGTGTCTCTGATG
>HPV63_Mu_9626605_nt6242_L1_Tile|2
ATTGCTACAGATAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTTTAGTGTCTCTGATGTGCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6247_L1_Tile|1
TACAGATAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTTTAGTGTCTCTGATGTGCAAATTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6252_L1_Tile|1
ATAATTATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTTTAGTGTCTCTGATGTGCAAATTTTAAATA
>HPV63_Mu_9626605_nt6257_L1_Tile|1
TATTTTGTAGCTCCCAGTGGATCTTTAGTGTCTCTGATGTGCAAATTTTAAATAGGCCC
>HPV63_Mu_9626605_nt6282_L1_Tile|2
TAGTGTCTCTGATGTGCAAATTTTAAATAGGCCCTATTGGTTACAACGTTCTCAAGGAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6342_L1_Tile|2
AGAACAATGGTATCTGTTGGAGAAATGAGTTATTTGTAAGTGTAGCTGATAATACCAGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6352_L1_Tile|1
TATCTGTTGGAGAAATGAGTTATTTGTAAGTGTAGCTGATAATACCAGAGGAACACGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6362_L1_Tile|2
AGAAATGAGTTATTTGTAAGTGTAGCTGATAATACCAGAGGAACACGATGAATATAAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6367_L1_Tile|1
TGAGTTATTTGTAAGTGTAGCTGATAATACCAGAGGAACACGATGAATATAAATGTTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt6372_L1_Tile|1
TATTTGTAAGTGTAGCTGATAATACCAGAGGAACACGATGAATATAAATGTTCTTAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt6377_L1_Tile|1
GTAAGTGTAGCTGATAATACCAGAGGAACACGATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6387_L1_Tile|1
CTGATAATACCAGAGGAACACGATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6392_L1_Tile|1
AATACCAGAGGAACACGATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6402_L1_Tile|2
GAACACGATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6407_L1_Tile|1
ACGATGAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTAT

>HPV63_Mu_9626605_nt6412_L1_Tile|1
GAATATAAATGTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6422_L1_Tile|2
GTTCTTAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATACTCGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6427_L1_Tile|1
TAACAAAGCAACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATACTCGCCATGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6437_L1_Tile|1
ACCCCTGAGACTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATACTCGCCATGTGGAGGAATAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6447_L1_Tile|1
CTTATGATAGCGCAGATTATAATGAGTATACTCGCCATGTGGAGGAATATGAGTTATCCT
>HPV63_Mu_9626605_nt6452_L1_Tile|1
GATAGCGCAGATTATAATGAGTATACTCGCCATGTGGAGGAATATGAGTTATCCTTTATA
>HPV63_Mu_9626605_nt6457_L1_Tile|1
CGCAGATTATAATGAGTATACTCGCCATGTGGAGGAATATGAGTTATCCTTTATAGTTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6462_L1_Tile|2
ATTATAATGAGTATACTCGCCATGTGGAGGAATATGAGTTATCCTTTATAGTTCAGCTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6492_L1_Tile|1
AATATGAGTTATCCTTTATAGTTCAGCTTTGTAAGGTAAACCTGAAAATTTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6497_L1_Tile|1
GAGTTATCCTTTATAGTTCAGCTTTGTAAGGTAAACCTGAAAATTTAGCATTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6502_L1_Tile|2
ATCCTTTATAGTTCAGCTTTGTAAGGTAAACCTGAAAATTTAGCATTTTTTGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6537_L1_Tile|1
CACCTGAAAATTTAGCATTTTTTGATAATATGGATCCAACAATTATCGATTCTTGGCAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6542_L1_Tile|2
GAAAATTTAGCATTTTTTGATAATATGGATCCAACAATTATCGATTCTTGGCAGTTAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt6547_L1_Tile|1
TTTAGCATTTTTTGATAATATGGATCCAACAATTATCGATTCTTGGCAGTTAACAGTTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6552_L1_Tile|1
CATTTTTTGATAATATGGATCCAACAATTATCGATTCTTGGCAGTTAACAGTTTCTCAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6562_L1_Tile|2
TAATATGGATCCAACAATTATCGATTCTTGGCAGTTAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6572_L1_Tile|1
CCAACAATTATCGATTCTTGGCAGTTAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAAATGCTATAGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6582_L1_Tile|2
TCGATTCTTGGCAGTTAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAAATGCTATAGAGGACAAGTATA
>HPV63_Mu_9626605_nt6587_L1_Tile|1
TCCTGGCAGTTAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAAATGCTATAGAGGACAAGTATAGATTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6592_L1_Tile|1
GCAGTTAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAAATGCTATAGAGGACAAGTATAGATTTATTGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6597_L1_Tile|1
TAACAGTTTCTCAACCTCCTGCAAATGCTATAGAGGACAAGTATAGATTTATTGAATCAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6607_L1_Tile|1
TCAACCTCCTGCAAATGCTATAGAGGACAAGTATAGATTTATTGAATCATTAGCAACAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6612_L1_Tile|1
CTCCTGCAAATGCTATAGAGGACAAGTATAGATTTATTGAATCATTAGCAACAAAATGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6617_L1_Tile|1
GCAAATGCTATAGAGGACAAGTATAGATTTATTGAATCATTAGCAACAAAATGTCCTGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6622_L1_Tile|2
TGCTATAGAGGACAAGTATAGATTTATTGAATCATTAGCAACAAAATGTCCTGATAACGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6632_L1_Tile|1
GACAAGTATAGATTTATTGAATCATTAGCAACAAAATGTCCTGATAACGTGCCCCCACC
>HPV63_Mu_9626605_nt6637_L1_Tile|1
GTATAGATTTATTGAATCATTAGCAACAAAATGTCCTGATAACGTGCCCCCACCCTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt6657_L1_Tile|1

TAGCAACAAAATGTCCTGATAACGTGCCCCACCCACTCCTACTGATCCTTACAAAGATT
>HPV63_Mu_9626605_nt6662_L1_Tile|2
ACAAAATGTCCTGATAACGTGCCCCACCCACTCCTACTGATCCTTACAAAGATTTACGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6672_L1_Tile|1
CTGATAACGTGCCCCACCCACTCCTACTGATCCTTACAAAGATTTACGTTTTTGGGATG
>HPV63_Mu_9626605_nt6677_L1_Tile|1
AACGTGCCCCACCCACTCCTACTGATCCTTACAAAGATTTACGTTTTTGGGATGTAGAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6682_L1_Tile|2
GCCCCACCCACTCCTACTGATCCTTACAAAGATTTACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6687_L1_Tile|1
CACCCACTCCTACTGATCCTTACAAAGATTTACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6692_L1_Tile|1
ACTCCTACTGATCCTTACAAAGATTTACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATG
>HPV63_Mu_9626605_nt6697_L1_Tile|1
TACTGATCCTTACAAAGATTTACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6702_L1_Tile|2
ATCCTTACAAAGATTTACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6707_L1_Tile|1
TACAAAGATTTACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6712_L1_Tile|1
AGATTTACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGATCAATT
>HPV63_Mu_9626605_nt6717_L1_Tile|1
TACGTTTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGATCAATTCCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6722_L1_Tile|2
TTTTGGGATGTAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGATCAATTCCTTTAGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6732_L1_Tile|1
TAGACCTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGATCAATTCCTTTAGGCCGCAAATTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6737_L1_Tile|1
CTCAGTGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGATCAATTCCTTTAGGCCGCAAATTTTTGTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6742_L1_Tile|2
TGAGCGAATGTCGGAGCAGCTTGATCAATTCCTTTAGGCCGCAAATTTTTGTATCAAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6782_L1_Tile|2
CGCAAATTTTTGTATCAAAGTGGTCTTGCACAGCGTTCTGTTCCAAAACTGTGAATTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6787_L1_Tile|1
ATTTTTGTATCAAAGTGGTCTTGCACAGCGTTCTGTTCCAAAACTGTGAATTTTCAAGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6792_L1_Tile|1
TGTATCAAAGTGGTCTTGCACAGCGTTCTGTTCCAAAACTGTGAATTTTCAAGAAACGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6797_L1_Tile|1
CAAAGTGGTCTTGCACAGCGTTCTGTTCCAAAACTGTGAATTTTCAAGAAACGTAGATCC
>HPV63_Mu_9626605_nt6802_L1_Tile|2
TGGTCTTGCACAGCGTTCTGTTCCAAAACTGTGAATTTTCAAGAAACGTAGATCCTCCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6807_L1_Tile|1
TTGCACAGCGTTCTGTTCCAAAACTGTGAATTTTCAAGAAACGTAGATCCTCCAATACTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6832_L1_Tile|1
TGTGAATTTTCAAGAAACGTAGATCCTCCAATACTACTGTGGCCAAACGGAGGCGACGGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6836_L1_Tile|1
AATTTTCAAGAAACGTAGATCCTCCAATACTACTGTGGCCAAACGGAGGCGACGGGCCTGA
>HPV65_Gamma_312100_nt5552_L1_Tile|1
AGATTCTATTTACCAGATCCTAATAGGTTTGCATTGATTGATAATGGTTTCTATGATTCT
>HPV65_Gamma_312100_nt5567_L1_Tile|1
GATCCTAATAGGTTTGCATTGATTGATAATGGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTT
>HPV65_Gamma_312100_nt5582_L1_Tile|2
GCATTGATTGATAATGGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTTGTGGAGACTCAGA
>HPV65_Gamma_312100_nt5587_L1_Tile|1
GATTGATAATGGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTTGTGGAGACTCAGAGGAAT

>HPV65_Gamma_312100_nt5592_L1_Tile|1
ATAATGGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTTGTTTGGGAGACTCAGAGGAATAGAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5597_L1_Tile|1
GGTTTCTATGATTCTGACCATGAACGTCTTGTTTGGGAGACTCAGAGGAATAGAAATAGGT
>HPV65_Gamma_312100_nt5612_L1_Tile|1
GACCATGAACGTCTTGTTTGGGAGACTCAGAGGAATAGAAATAGGTAGGGGTGGTCCCCTT
>HPV65_Gamma_312100_nt5617_L1_Tile|1
TGAACGTCTTGTTTGGGAGACTCAGAGGAATAGAAATAGGTAGGGGTGGTCCCCTTGGGAT
>HPV65_Gamma_312100_nt5622_L1_Tile|2
GTCTTGTTTGGGAGACTCAGAGGAATAGAAATAGGTAGGGGTGGTCCCCTTGGGATTGGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5637_L1_Tile|1
TCAGAGGAATAGAAATAGGTAGGGGTGGTCCCCTTGGGATTGGAACAACAGGCCATCCTT
>HPV65_Gamma_312100_nt5642_L1_Tile|2
GGAATAGAAATAGGTAGGGGTGGTCCCCTTGGGATTGGAACAACAGGCCATCCTTTATAT
>HPV65_Gamma_312100_nt5652_L1_Tile|1
TAGGTAGGGGTGGTCCCCTTGGGATTGGAACAACAGGCCATCCTTTATATAATAAGTTTG
>HPV65_Gamma_312100_nt5832_L1_Tile|1
ATTGGGATAAGGCTGAGCCTTGTCAGTCCTGTTTCCTCAACCAGGAGATTGTCCTCCTA
>HPV65_Gamma_312100_nt6037_L1_Tile|1
AATGAGTAAAGATGTCTATGGAGATAGCTTATTTCTTTTATGGTAGGCGAGAACAGTTATA
>HPV65_Gamma_312100_nt6052_L1_Tile|1
CTATGGAGATAGCTTATTCTTTTATGGTAGGCGAGAACAGTTATATGCCAGGCACTTTTT
>HPV65_Gamma_312100_nt6117_L1_Tile|1
GAGCAGGAGCAATGGGAGATGCACTACCAGAACCTTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGA
>HPV65_Gamma_312100_nt6122_L1_Tile|2
GGAGCAATGGGAGATGCACTACCAGAACCTTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCT
>HPV65_Gamma_312100_nt6127_L1_Tile|1
AATGGGAGATGCACTACCAGAACCTTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCA
>HPV65_Gamma_312100_nt6132_L1_Tile|1
GAGATGCACTACCAGAACCTTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAG
>HPV65_Gamma_312100_nt6137_L1_Tile|1
GCACTACCAGAACCTTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAG
>HPV65_Gamma_312100_nt6142_L1_Tile|2
ACCAGAACCTTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCA
>HPV65_Gamma_312100_nt6147_L1_Tile|1
AACCTTTTCGAGGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATA
>HPV65_Gamma_312100_nt6157_L1_Tile|1
GGTTAAAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCC
>HPV65_Gamma_312100_nt6162_L1_Tile|2
AAACTGATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATA
>HPV65_Gamma_312100_nt6167_L1_Tile|1
GATTACTGGATTCCCTGCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATAT
>HPV65_Gamma_312100_nt6182_L1_Tile|2
GCTCAAGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATATAGGCACTCCTAGT
>HPV65_Gamma_312100_nt6187_L1_Tile|1
AGAAGGTCAGGATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATATAGGCACTCCTAGTGGATC
>HPV65_Gamma_312100_nt6197_L1_Tile|1
GATCAGAATACTTTAGGTCCACATATATATATAGGCACTCCTAGTGGATCTTTAGTTTCA
>HPV65_Gamma_312100_nt6202_L1_Tile|2
GAATACTTTAGGTCCACATATATATATATAGGCACTCCTAGTGGATCTTTAGTTTCAAGTGA
>HPV65_Gamma_312100_nt6207_L1_Tile|1
CTTTAGGTCCACATATATATATATAGGCACTCCTAGTGGATCTTTAGTTTCAAGTGAGTCCC
>HPV65_Gamma_312100_nt6337_L1_Tile|1
ATTATTTGTGACACTTGTTGACAATACTCATAATACTAATTTTACTATTTCTGTAAAAAC
>HPV65_Gamma_312100_nt6392_L1_Tile|1

AAAACAGAAGCAGCTGATGAATCCTATAAAATATAAAGCAGGTGATTTTAAACAGTATTTA
>HPV65_Gamma_312100_nt6612_L1_Tile|1
ATAGATTTATACAATCCAGAGCTACGAGATGTCCTACTCAGTCTCCCAGTACTGAAAAGG
>HPV65_Gamma_312100_nt6617_L1_Tile|1
TTTATACAATCCAGAGCTACGAGATGTCCTACTCAGTCTCCCAGTACTGAAAAGGAAGAC
>HPV65_Gamma_312100_nt6632_L1_Tile|1
GCTACGAGATGTCCTACTCAGTCTCCCAGTACTGAAAAGGAAGACCCCTTATAAAGATTTA
>HPV65_Gamma_312100_nt6752_L1_Tile|1
GGGAGACGCTTTTTATATCAAAGTGGTTTAATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACT
>HPV65_Gamma_312100_nt6757_L1_Tile|1
ACGCTTTTTATATCAAAGTGGTTTAATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6762_L1_Tile|2
TTTTATATCAAAGTGGTTTAATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAAATTCTC
>HPV65_Gamma_312100_nt6767_L1_Tile|1
TATCAAAGTGGTTTAATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAAATTCTCAAGCT
>HPV65_Gamma_312100_nt6772_L1_Tile|1
AAGTGGTTTAATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAAATTCTCAAGCTCCAAC
>HPV65_Gamma_312100_nt6777_L1_Tile|1
GTTTAATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAAATTCTCAAGCTCCAAGTAGTA
>HPV65_Gamma_312100_nt6782_L1_Tile|2
ATTAATGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAAATTCTCAAGCTCCAAGTAGTATTAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6787_L1_Tile|1
TGGAACACTTAAAAGAAAACGTACTATTAAATTCTCAAGCTCCAAGTAGTATTAAACGTTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt5763_L1_Tile|1
GCTCTAGGTTGCTTGCTGTTGGCCATCCTTATTACTCTGTTTCCAAATCTGGTACCAAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt5778_L1_Tile|1
CTGTTGGCCATCCTTATTACTCTGTTTCCAAATCTGGTACCAAAAACAAACATCCCTAAAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6148_L1_Tile|1
TTGGACTAAGGGCGCGGTGTGTAAGTCTACACCAGGTAATACAGGGGATTGTCCACCTCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6153_L1_Tile|1
CTAAGGGCGCGGTGTGTAAGTCTACACCAGGTAATACAGGGGATTGTCCACCTCTTGTCAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6168_L1_Tile|1
GTAAGTCTACACCAGGTAATACAGGGGATTGTCCACCTCTTGTCATTAGTTAATACCCCGA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6183_L1_Tile|1
GTAATACAGGGGATTGTCCACCTCTTGTCATTAGTTAATACCCCGATAGAGGACGGTGACA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6418_L1_Tile|1
ACATTACTTTAATAGGGCAGGTAATGTTGGGGAAGCCATTTCCTACAGATTTGTATTGGAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6428_L1_Tile|1
AATAGGGCAGGTAATGTTGGGGAAGCCATTTCCTACAGATTTGTATTGGAAGGGTGGCAAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6438_L1_Tile|1
GTAATGTTGGGGAAGCCATTTCCTACAGATTTGTATTGGAAGGGTGGCAATGGCAGGGACC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6443_L1_Tile|1
GTTGGGGAAGCCATTTCCTACAGATTTGTATTGGAAGGGTGGCAATGGCAGGGACCCTCCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6448_L1_Tile|1
GGAAGCCATTTCCTACAGATTTGTATTGGAAGGGTGGCAATGGCAGGGACCCTCCTCCCAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6453_L1_Tile|1
CCATTCTACAGATTTGTATTGGAAGGGTGGCAATGGCAGGGACCCTCCTCCCAGTTCTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6458_L1_Tile|1
CCTACAGATTTGTATTGGAAGGGTGGCAATGGCAGGGACCCTCCTCCCAGTTCTGTATAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6718_L1_Tile|1
AATCAATCAATACCTTCGCCATGTGGAGGAATATGAACACTACAGTTTGTGTTTCACTTTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6793_L1_Tile|1
TGCAGAAAGTTATGGCATATTTGCATAATATGAATAATACTTTATTAGACGATTGGAATAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6798_L1_Tile|1
AAGTTATGGCATATTTGCATAATATGAATAATACTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCT

>HPV66_Alpha_1020290_nt6808_L1_Tile|1
ATATTTGCATAATATGAATAATACTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6813_L1_Tile|1
TGCATAATATGAATAATACTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6823_L1_Tile|1
GAATAATACTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6828_L1_Tile|1
ATACTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6833_L1_Tile|1
TTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6838_L1_Tile|1
AGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6853_L1_Tile|1
TGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAGGTATATTTAAAGCAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6863_L1_Tile|1
CCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAGGTATATTTAAAGCACAGCTATTACA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7038_L1_Tile|1
GAAAATTTTAAATGCAACTAGGCCCTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7043_L1_Tile|1
TTTTTAATGCAACTAGGCCCTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7063_L1_Tile|1
TAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCTC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7078_L1_Tile|1
CAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCTCTTCTCTTCTTACC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7083_L1_Tile|1
CTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCTCTTCTCTTCTTACCAGCTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5725_L1_Tile|1
GCTGGTAGCTCCAGACTTTTAGCTGTAGGCCATCCTTACTTTTCCATTCCCTAATCCCTCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5735_L1_Tile|1
CCAGACTTTTAGCTGTAGGCCATCCTTACTTTTCCATTCCCTAATCCCTCCAACACTAAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5740_L1_Tile|1
CTTTTAGCTGTAGGCCATCCTTACTTTTCCATTCCCTAATCCCTCCAACACTAAAAAGGTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5750_L1_Tile|1
TAGGCCATCCTTACTTTTCCATTCCCTAATCCCTCCAACACTAAAAAGGTGTTAGTGCCCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5760_L1_Tile|1
TTACTTTTCCATTCCCTAATCCCTCCAACACTAAAAAGGTGTTAGTGCCCAAGGTGTCAGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5765_L1_Tile|1
TTTCCATTCCCTAATCCCTCCAACACTAAAAAGGTGTTAGTGCCCAAGGTGTCAGGTTTGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5970_L1_Tile|1
TAGTGACATCCATTACTTAATAAGTTTGATGATACTGAAACAAATAATAAATACCCTAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5975_L1_Tile|1
GACATCCATTACTTAATAAGTTTGATGATACTGAAACAAATAATAAATACCCTAGCCAGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5985_L1_Tile|1
ACTTAATAAGTTTGATGATACTGAAACAAATAATAAATACCCTAGCCAGCCTGGTACTGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6005_L1_Tile|1
CTGAAACAAATAATAAATACCCTAGCCAGCCTGGTACTGATAATAGGGAATGCTTGTCTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6020_L1_Tile|1
AATACCCTAGCCAGCCTGGTACTGATAATAGGGAATGCTTGTCTATGGATGCTAAGCAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6105_L1_Tile|1
ACCTCCTACAGGTGAACACTGGGGTAAAGGTACCCCGTGTAGTGGTAACAGTAATGGGCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6280_L1_Tile|1
CCGTTAGATATATGTACCAGTATTTGTAAATATCCTGATTATCTTGGTATGGCTAGCGAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6320_L1_Tile|1
ATCTTGGTATGGCTAGCGAGGCTTATGGGGACAGTTTATTTTTCTTCTTCTGCGACGTGAGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6360_L1_Tile|1

TTTCTTCCTGCGACGTGAGCAAATGTTTGTAGGCATTTGTTTAAACAGAGCAGGTAAATT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6385_L1_Tile|1
TTTGTTAGGCATTTGTTTAAACAGAGCAGGTAAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGATTTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6395_L1_Tile|1
ATTTGTTTAAACAGAGCAGGTAAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGATTTGTATTTTAAGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6400_L1_Tile|1
TTTAAACAGAGCAGGTAAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGATTTGTATTTTAAGGGATCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6405_L1_Tile|1
CAGAGCAGGTAAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGATTTGTATTTTAAGGGATCTGCAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6410_L1_Tile|1
CAGGTAAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGATTTGTATTTTAAGGGATCTGCAAACACTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6415_L1_Tile|1
AAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGATTTGTATTTTAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6430_L1_Tile|1
GTACCTACAGATTTGTATTTTAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCACTGCAAACCTCAGCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6435_L1_Tile|1
TACAGATTTGTATTTTAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCACTGCAAACCTCAGCTTTTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6440_L1_Tile|1
ATTTGTATTTTAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCACTGCAAACCTCAGCTTTTTTTCCTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6450_L1_Tile|1
TAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCACTGCAAACCTCAGCTTTTTTTCCTACTCCCAGTGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6620_L1_Tile|1
TAGACACTACACGTAGTACCAACATGACTTTATGTTCTGAGGAAAAATCAGAGGCTACAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6625_L1_Tile|1
ACTACACGTAGTACCAACATGACTTTATGTTCTGAGGAAAAATCAGAGGCTACATACAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6630_L1_Tile|1
ACGTAGTACCAACATGACTTTATGTTCTGAGGAAAAATCAGAGGCTACATACAAAAATGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6735_L1_Tile|1
GTTTATATTTTCTGCTGTGCAAAATATCCCTTACTGCAATGTTATGCAATACATACACAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6750_L1_Tile|1
GTGCAAAATATCCCTTACTGCAATGTTATGCAATACATACACACCATGAATCCAGATAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6755_L1_Tile|1
AAATATCCCTTACTGCAATGTTATGCAATACATACACACCATGAATCCAGATATATTAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6760_L1_Tile|1
TCCCTTACTGCAATGTTATGCAATACATACACACCATGAATCCAGATATATTAGAGGAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6765_L1_Tile|1
TACTGCAATGTTATGCAATACATACACACCATGAATCCAGATATATTAGAGGACTGGCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6770_L1_Tile|1
CAAATGTTATGCAATACATACACACCATGAATCCAGATATATTAGAGGACTGGCAATTTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6890_L1_Tile|1
CTATTACCTGTCAAAAAACATCCCCTCCAACAGCAAAGGAAGATCCTCTTAAAAAGTACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6895_L1_Tile|1
ACCTGTCAAAAAACATCCCCTCCAACAGCAAAGGAAGATCCTCTTAAAAAGTACAGTTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7015_L1_Tile|1
AAATTTTATTTGTCAGGCAGGTTTTACAGCTAAACCTAAACTAAAACGTTCTTCACCTTCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7020_L1_Tile|1
TTTATTGCAGGCAGGTTTTACAGCTAAACCTAAACTAAAACGTTCTTCACCTTCTTCTTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5599_L1_Tile|1
TGGTACATCTAGGTTATTAAGTGTAGGCCATCCATATTTTAAGGTTCCCTATGTCTGGGGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5979_L1_Tile|1
CTATTGGCGAGCACTGGGCCAAAGGTAAATCTTGTAAGCCTACCAATGTACAACAAGGGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5999_L1_Tile|1
AAAGGTAAATCTTGTAAGCCTACCAATGTACAACAAGGGGACTGTCCCCCATTTGGAATTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6004_L1_Tile|1
TAAATCTTGTAAGCCTACCAATGTACAACAAGGGGACTGTCCCCCATTTGGAATTGGTAAA

>HPV68a_Alpha_71726685_nt6009_L1_Tile|1
CTTGTAAGCCTACCAATGTACAACAAGGGGACTGTCCCCATTGGAATTGGTAAATACTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6114_L1_Tile|1
ACTTTGGTACATTACAAGAAACGAAAAGCGAGGTACCTTTGGATATATGTCAATCTGTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6254_L1_Tile|1
TTTGCCAGGCATTTTTTGGAAATAGGGGAGGCATGGTAGGGGACACTATTCCCCTGACATG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6259_L1_Tile|1
CAGGCATTTTTTGGAAATAGGGGAGGCATGGTAGGGGACACTATTCCCCTGACATGTATAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6264_L1_Tile|1
ATTTTTTGGAAATAGGGGAGGCATGGTAGGGGACACTATTCCCCTGACATGTATATTAAGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6279_L1_Tile|1
GAGGCATGGTAGGGGACACTATTCCCCTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6289_L1_Tile|1
AGGGGACACTATTCCCCTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGTGAAACTCCTAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6294_L1_Tile|1
ACACTATTCCCCTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGTGAAACTCCTAGTAGTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6299_L1_Tile|1
ATTCCCCTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGTGAAACTCCTAGTAGTTATGTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6304_L1_Tile|1
CACTGACATGTATATTAAGGGCACTGACATTCGTGAAACTCCTAGTAGTTATGTGTATGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6469_L1_Tile|1
TCAATTATTTCTTACCGTTGTGGATACAACGCGCAGTACTAATTTTACATTGTCCACTAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6489_L1_Tile|1
TGGATACAACGCGCAGTACTAATTTTACATTGTCCACTACTACAGACTCTACTGTACCAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6504_L1_Tile|1
GTACTAATTTTACATTGTCCACTACTACAGACTCTACTGTACCAGCTGTGTATGATTCTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6509_L1_Tile|1
AATTTTACATTGTCCACTACTACAGACTCTACTGTACCAGCTGTGTATGATTCTAATAAAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6514_L1_Tile|1
TACATTGTCCACTACTACAGACTCTACTGTACCAGCTGTGTATGATTCTAATAAATTTAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6624_L1_Tile|1
TGTGTACTATAACATTATCCACTGATGTAATGTCATATATACATACTATGAATCCTGCTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6729_L1_Tile|1
GTCTTGTTAGATACATACCGCTACCTACAATCAGCAGCAATTACATGTCAAAGGACGCCC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6819_L1_Tile|1
GTCTTAACCTTTTGGAAATGTGGATTTAAAGGAAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTCC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6824_L1_Tile|1
AACTTTTGGAAATGTGGATTTAAAGGAAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTCCCATTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6839_L1_Tile|1
GATTTAAAGGAAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6844_L1_Tile|1
AAAGGAAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6849_L1_Tile|1
AAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTACAGGCAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6859_L1_Tile|1
TTCTGAACTGGACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTACAGGCAGGTGTTTCGCAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6864_L1_Tile|1
AACTGGACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTACAGGCAGGTGTTTCGCAGACGGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6869_L1_Tile|1
GACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTACAGGCAGGTGTTTCGCAGACGGCCCACC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6874_L1_Tile|1
ATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTACAGGCAGGTGTTTCGCAGACGGCCCACCATAGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6924_L1_Tile|1
CCACCATAGGCCCTCGTAAACGCACTGCCACTGCAGCTACCACATCTACCTCTAAACACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6929_L1_Tile|1

ATAGGCCCTCGTAAACGCACTGCCACTGCAGCTACCACATCTACCTCTAAACACAAACGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5592_L1_Tile|1
TGTGTCCCGGTTGTCAGACGGATGAATATGTACACGCACCGGATATATTACTATGCAGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5602_L1_Tile|2
GTTGTCAGACGGATGAATATGTACACGCACCGGATATATTACTATGCAGGCAGCTCTCGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5607_L1_Tile|1
CAGACGGATGAATATGTACACGCACCGGATATATTACTATGCAGGCAGCTCTCGATTATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5612_L1_Tile|1
GGATGAATATGTACACGCACCGGATATATTACTATGCAGGCAGCTCTCGATTATTAACCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5617_L1_Tile|1
AATATGTACACGCACCGGATATATTACTATGCAGGCAGCTCTCGATTATTAACCTTGGGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5652_L1_Tile|1
CAGCTCTCGATTATTAACCTTGGGTTCATCCCTATTTTCCAATTCCTAAATCTGGTTCAAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5657_L1_Tile|1
CTCGATTATTAACCTTGGGTTCATCCCTATTTTCCAATTCCTAAATCTGGTTCAACAGCAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5662_L1_Tile|2
TTATTAACCTTGGGTTCATCCCTATTTTCCAATTCCTAAATCTGGTTCAACAGCAGAAATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5682_L1_Tile|2
CTATTTTCCAATTCCTAAATCTGGTTCAACAGCAGAAATTCCTAAAGTGTCTGCTTACCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5687_L1_Tile|1
TTCCAATTCCTAAATCTGGTTCAACAGCAGAAATTCCTAAAGTGTCTGCTTACCAATATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5917_L1_Tile|1
GACACTGAAAATTCACATCTTGCCACTGCTAATGCAGACACTGATAATAGGGACAACGTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5927_L1_Tile|1
ATTCACATCTTGCCACTGCTAATGCAGACACTGATAATAGGGACAACGTGTGTGTAGATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5932_L1_Tile|1
CATCTTGCCACTGCTAATGCAGACACTGATAATAGGGACAACGTGTGTGTAGATAATAAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6007_L1_Tile|1
ATTATTGGATGTACCCCTCCTTTAGGTGAACACTGGGGCGTTGGCACTGTATGTAAAAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6012_L1_Tile|1
TGGATGTACCCCTCCTTTAGGTGAACACTGGGGCGTTGGCACTGTATGTAAAAATGCACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6017_L1_Tile|1
GTACCCCTCCTTTAGGTGAACACTGGGGCGTTGGCACTGTATGTAAAAATGCACAGTCTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6167_L1_Tile|1
ATTTTACAGCTTTGCAAGCTACAAAATGTGATGTGCCACTTGATATTAATCAATCTATTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6172_L1_Tile|1
ACAGCTTTGCAAGCTACAAAATGTGATGTGCCACTTGATATTAATCAATCTATTTGCAAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6317_L1_Tile|1
ATTTTTTTTAAATAAAGCTGGCACTATAGGTGATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6322_L1_Tile|2
TTTAATAAAGCTGGCACTATAGGTGATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6327_L1_Tile|1
TAAAGCTGGCACTATAGGTGATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6332_L1_Tile|1
CTGGCACTATAGGTGATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6337_L1_Tile|1
ACTATAGGTGATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6342_L1_Tile|2
AGGTGATTCTGTACCAGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6357_L1_Tile|1
AGTATCTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCCAACCTACTTCTATATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6362_L1_Tile|2
CTATGTATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCCAACCTACTTCTATATACTCAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6367_L1_Tile|1
TATATTAAAGGCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCCAACCTACTTCTATATACTCACGTACG

>HPV69_Alpha_6970418_nt6377_L1_Tile|1
GCGCTGGTCAAGGTCGTGAACCTCCAACCTACTTCTATATACTCACGTACGCCTAGTGGCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6387_L1_Tile|1
AGGTGCGTGAACCTCCAACCTACTTCTATATACTCACGTACGCCTAGTGGCTCCATGGTGAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6402_L1_Tile|2
AACTACTTCTATATACTCACGTACGCCTAGTGGCTCCATGGTGACCTCTGATGCTCAATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6677_L1_Tile|1
AATTGTGTAAAAATTACTCTTACCACTGATGTAATGGCCTATATCCATACAATGAATTCTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6682_L1_Tile|2
TGTAATAATTACTCTTACCACTGATGTAATGGCCTATATCCATACAATGAATTCTACTATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6717_L1_Tile|1
TATCCATACAATGAATTCTACTATTTTGAAAAATTGGAATTTTGGCCTTACCTTGCCTCC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6927_L1_Tile|1
TCAATTTCCACTGGGCAGAAAATTTATGCTGCAGGCTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6932_L1_Tile|1
TTCCACTGGGCAGAAAATTTATGCTGCAGGCTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6937_L1_Tile|1
CTGGGCAGAAAATTTATGCTGCAGGCTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCACCAAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6942_L1_Tile|2
CAGAAAATTTATGCTGCAGGCTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCACCAAACGTCC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6947_L1_Tile|1
AATTTATGCTGCAGGCTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCACCAAACGTCCAGCTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6957_L1_Tile|1
GCAGGCTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCACCAAACGTCCAGCTTCTTCCTTATC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6962_L1_Tile|2
CTGGTATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCACCAAACGTCCAGCTTCTTCCTTATCTGCAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6967_L1_Tile|1
ATACAGCGACGTCCTAAGTTAGGCACCAAACGTCCAGCTTCTTCCTTATCTGCATCTTCC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6391_L1_Tile|1
CACAATACCTTCAGAGTTATATATTAAAGGCACGGATATACGTGAGCGTCCTGGTACTCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6396_L1_Tile|1
TACCTTCAGAGTTATATATTAAAGGCACGGATATACGTGAGCGTCCTGGTACTCATGTAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6406_L1_Tile|1
GTTATATATTAAAGGCACGGATATACGTGAGCGTCCTGGTACTCATGTATATTCCCCTTC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6586_L1_Tile|1
GGACACTACACGTAGTACTAATTTTACATTGTCTGCCTGCACCGAAACGGCCATACCTGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6591_L1_Tile|1
CTACACGTAGTACTAATTTTACATTGTCTGCCTGCACCGAAACGGCCATACCTGCTGTAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6596_L1_Tile|1
CGTAGTACTAATTTTACATTGTCTGCCTGCACCGAAACGGCCATACCTGCTGTATATAGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6601_L1_Tile|1
TACTAATTTTACATTGTCTGCCTGCACCGAAACGGCCATACCTGCTGTATATAGCCCTAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6606_L1_Tile|1
ATTTTACATTGTCTGCCTGCACCGAAACGGCCATACCTGCTGTATATAGCCCTACAAAGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6611_L1_Tile|1
ACATTGTCTGCCTGCACCGAAACGGCCATACCTGCTGTATATAGCCCTACAAAGTTTAAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6626_L1_Tile|1
ACCGAAACGGCCATACCTGCTGTATATAGCCCTACAAAGTTTAAGGAATATACTAGGCAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6711_L1_Tile|1
TATTTCAATTGTGTACTATCACATTAACCTGCTGACGTTATGGCCTACATCCATACTATGA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6746_L1_Tile|1
GTTATGGCCTACATCCATACTATGAATCCTGCAATTTTGGACAATTGGAATATAGGAGTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6791_L1_Tile|1
TGGAATATAGGAGTTACCCCTCCACCATCTGCAAGCTTGGTGGACACGTATAGGTATTTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6796_L1_Tile|1

TATAGGAGTTACCCCTCCACCATCTGCAAGCTTGGTGGACACGTATAGGTATTTACAATC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6801_L1_Tile|1
GAGTTACCCCTCCACCATCTGCAAGCTTGGTGGACACGTATAGGTATTTACAATCAGCAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6806_L1_Tile|1
ACCCCTCCACCATCTGCAAGCTTGGTGGACACGTATAGGTATTTACAATCAGCAGCTATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6811_L1_Tile|1
TCCACCATCTGCAAGCTTGGTGGACACGTATAGGTATTTACAATCAGCAGCTATAGCATG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6831_L1_Tile|1
TGGACACGTATAGGTATTTACAATCAGCAGCTATAGCATGTCAAAAGGATGCTCCTACAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6836_L1_Tile|1
ACGTATAGGTATTTACAATCAGCAGCTATAGCATGTCAAAAGGATGCTCCTACACCTGAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7001_L1_Tile|1
GTAGGGGCTCGCAGACGTCTACTATAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCG
>HPV70_Alpha_1173493_nt7016_L1_Tile|1
CGTCTACTATAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCGTCTTCCTCAGCCTCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7021_L1_Tile|1
TACTATAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCGTCTTCCTCAGCCTCTAAACA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7026_L1_Tile|1
TAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCGTCTTCCTCAGCCTCTAAACACAAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt7031_L1_Tile|1
CCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCGTCTTCCTCAGCCTCTAAACACAAACGGAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5907_L1_Tile|1
ACGACTATGTTACCAGAACAAAATATTTTATTTATGCTGGTAGTTCTAGATTACTTACTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5952_L1_Tile|1
CTAGATTACTTACTGTTGGCCATCCATATTTTCCTATTTCGCCAGGCAAGTGGTAAAAATC
>HPV71_Alpha_12084981_nt5957_L1_Tile|1
TTACTTACTGTTGGCCATCCATATTTTCCTATTTCGCCAGGCAAGTGGTAAAAATCGTATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5967_L1_Tile|1
TTGGCCATCCATATTTTCCTATTTCGCCAGGCAAGTGGTAAAAATCGTATAGTTGTCCCCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5972_L1_Tile|1
CATCCATATTTTCCTATTTCGCCAGGCAAGTGGTAAAAATCGTATAGTTGTCCCCAAAGTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6072_L1_Tile|1
ACCCAAATAAATTTGGACTACCTGATGCTTCATTATACAATCCCGATACCCAGCGCTTAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6087_L1_Tile|1
GACTACCTGATGCTTCATTATACAATCCCGATACCCAGCGCTTAGTGTGGGCTTGTAAGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6192_L1_Tile|1
GCCATCCATTGTTTAAACAAGCTTAATGACACTGAAAATGCCACGCTGTTTGATGTTAATC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6197_L1_Tile|1
CCATTGTTTAAACAAGCTTAATGACACTGAAAATGCCACGCTGTTTGATGTTAATCCTGGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6207_L1_Tile|1
ACAAGCTTAATGACACTGAAAATGCCACGCTGTTTGATGTTAATCCTGGTGAGGATACTC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6222_L1_Tile|2
CTGAAAATGCCACGCTGTTTGATGTTAATCCTGGTGAGGATACTCGGGATAATGTTTCTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6322_L1_Tile|2
GCCTCCCTTAGGTGAACATTGGGCAAAAGGTACTCCATGCAGTGGCGCTTCAGCTGCCGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6347_L1_Tile|1
AAAGGTACTCCATGCAGTGGCGCTTCAGCTGCCGCTGGTAGTTGCCCCCACTTGAACCTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6352_L1_Tile|1
TACTCCATGCAGTGGCGCTTCAGCTGCCGCTGGTAGTTGCCCCCACTTGAACCTTGCCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6442_L1_Tile|2
CACAGGTTTTGGGGCAATGGATTTTGCAGCCCTGCAAACAAATAGGTCTGACGTTCCCTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6452_L1_Tile|1
GGGGCAATGGATTTTGCAGCCCTGCAAACAAATAGGTCTGACGTTCCCTTGGATATTGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6467_L1_Tile|1
GCAGCCCTGCAAACAAATAGGTCTGACGTTCCCTTGGATATTGTTACTACAACATGTAAA

>HPV71_Alpha_12084981_nt6517_L1_Tile|1
AACATGTAAATATCAGATTATTTTGAATGGCTGCAGAGCCATTGGTGATCGCATGTTTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6522_L1_Tile|2
GTAAATATCAGATTATTTTGAATGGCTGCAGAGCCATTGGTGATCGCATGTTTTTCTTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6532_L1_Tile|1
GATTATTTTGAATGGCTGCAGAGCCATTGGTGATCGCATGTTTTTCTTGCGCCGAGAGCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6547_L1_Tile|1
CTGCAGAGCCATTGGTGATCGCATGTTTTTCTTGCGCCGAGAGCAATGTTTTAAGACATT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6552_L1_Tile|1
GAGCCATTGGTGATCGCATGTTTTTCTTGCGCCGAGAGCAATGTTTTAAGACATTTTATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6592_L1_Tile|1
ATGTTTTTAAGACATTTTATAATAGGCAGGCACACCTAGGCAGGGTTCCTGATGACTATTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6602_L1_Tile|2
ACATTTTATAATAGGCAGGCACACCTAGGCAGGGTTCCTGATGACTATTATTTAAAGGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6607_L1_Tile|1
TTATAATAGGCAGGCACACCTAGGCAGGGTTCCTGATGACTATTATTTAAAGGTTACCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6617_L1_Tile|1
CAGGCACACCTAGGCAGGGTTCCTGATGACTATTATTTAAAGGTTACCTTCTACCTTTC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6632_L1_Tile|1
AGGGTTCCTGATGACTATTATTTAAAGGTTACCTTCTACCTTTCGTGCTTCCCCTACAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6637_L1_Tile|1
TCCTGATGACTATTATTTAAAGGTTACCTTCTACCTTTCGTGCTTCCCCTACAAGCTCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6642_L1_Tile|2
ATGACTATTATTTAAAGGTTACCTTCTACCTTTCGTGCTTCCCCTACAAGCTCTCTTTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6647_L1_Tile|1
TATTATTTAAAGGTTACCTTCTACCTTTCGTGCTTCCCCTACAAGCTCTCTTTATGCAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6657_L1_Tile|1
AGGTTACCTTCTACCTTTCGTGCTTCCCCTACAAGCTCTCTTTATGCATCCACACCTAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6777_L1_Tile|1
ACAGGGCACAAACAATGGCATTGTGGGCAATCTGCTTTTTGTAAACAGTTGTGACACAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6782_L1_Tile|2
GCACAAACAATGGCATTGTGGGCAATCTGCTTTTTGTAAACAGTTGTGACACATCACGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6787_L1_Tile|1
AACAATGGCATTGTGGGCAATCTGCTTTTTGTAAACAGTTGTGACACATCACGTAGTAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6792_L1_Tile|1
TGGCATTGTGGGCAATCTGCTTTTTGTAAACAGTTGTGACACATCACGTAGTACAAATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6802_L1_Tile|2
TGGGCAATCTGCTTTTTGTAAACAGTTGTGACACATCACGTAGTACAAATATGTCCATCTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6807_L1_Tile|1
AATCTGCTTTTTGTAAACAGTTGTGACACATCACGTAGTACAAATATGTCCATCTGTGCTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6812_L1_Tile|1
GCTTTTTGTAAACAGTTGTGACACATCACGTAGTACAAATATGTCCATCTGTGCTACCAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6817_L1_Tile|1
TTGTAAACAGTTGTGACACATCACGTAGTACAAATATGTCCATCTGTGCTACCAAACTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6822_L1_Tile|2
ACAGTTGTGACACATCACGTAGTACAAATATGTCCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6827_L1_Tile|1
TGTGACACATCACGTAGTACAAATATGTCCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6832_L1_Tile|1
CACATCACGTAGTACAAATATGTCCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6837_L1_Tile|1
CACGTAGTACAAATATGTCCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6852_L1_Tile|1
TGTCCATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6857_L1_Tile|1

ATCTGTGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAATATTTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6862_L1_Tile|2
TGCTACCAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAATATTTGAGACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6867_L1_Tile|1
CCAAAACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAATATTTGAGACATGGAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6872_L1_Tile|1
ACTGTTGAGTCTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAATATTTGAGACATGGAGAAGAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6882_L1_Tile|2
CTACATATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAATATTTGAGACATGGAGAAGAATTTGATTTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6887_L1_Tile|1
TATAAAGCCTCTAGTTTCATGGAATATTTGAGACATGGAGAAGAATTTGATTTGCAATTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6967_L1_Tile|1
TAATTTAACAGCTGAAATTATGGCCTACTTACATGGCATGGATGCTACATTACTGGAGGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt7092_L1_Tile|1
CTCAGGCCATAACCTGTCAGAAAAACAGTCCTCCTCCTGCAGAAAAAAGGACCCCTATG
>HPV71_Alpha_12084981_nt7102_L1_Tile|2
AACCTGTGCAAAAAACAGTCCTCCTCCTGCAGAAAAAAGGACCCCTATGCAGATCTTAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7107_L1_Tile|1
GTCAGAAAAACAGTCCTCCTCCTGCAGAAAAAAGGACCCCTATGCAGATCTTACATTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7237_L1_Tile|1
GCAAGTGGCACCCGCTCGCGGCCTACTGCATTGTCCCGTAAAAGGGTTGCAGCATCTAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7257_L1_Tile|1
GGCCTACTGCATTGTCCCGTAAAAGGGTTGCAGCATCTACCACATCCACCGCCCCCAAAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5899_L1_Tile|1
GGCAGTTCTCGTCTACTAAGTGTAGGACATCCTTACTGTGCCATACCTCTCAACGGACAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt5909_L1_Tile|1
GTCTACTAAGTGTAGGACATCCTTACTGTGCCATACCTCTCAACGGACAGGGCAAAAAAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt5914_L1_Tile|1
CTAAGTGTAGGACATCCTTACTGTGCCATACCTCTCAACGGACAGGGCAAAAAAAACACC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5919_L1_Tile|1
TGTAGGACATCCTTACTGTGCCATACCTCTCAACGGACAGGGCAAAAAAAACACCATTCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6184_L1_Tile|1
ACTTCCTTACTTGTGGCTGACAATTCTGACAGTCGGGACAATGTATCTGTTGACTACAAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6219_L1_Tile|1
GGACAATGTATCTGTTGACTACAAACAGACCCAATTGCTTATTATAGGGTGCAAGCCTCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6229_L1_Tile|1
TCTGTTGACTACAAACAGACCCAATTGCTTATTATAGGGTGCAAGCCTCCCATTGGTGAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6234_L1_Tile|1
TGACTACAAACAGACCCAATTGCTTATTATAGGGTGCAAGCCTCCCATTGGTGAGCATTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6269_L1_Tile|1
GCAAGCCTCCCATTGGTGAGCATTGGACCAAGGGCACTCCTTGTGCAGGCTCTAATTCTC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6279_L1_Tile|1
CATTGGTGAGCATTGGACCAAGGGCACTCCTTGTGCAGGCTCTAATTCTCAGCCAACTGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6284_L1_Tile|1
GTGAGCATTGGACCAAGGGCACTCCTTGTGCAGGCTCTAATTCTCAGCCAACTGACTGCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6314_L1_Tile|1
CAGGCTCTAATTCTCAGCCAACTGACTGCCCCCTTTAGAATTTACAAATTCCTACTATAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6564_L1_Tile|1
TTTTTTTAAATAGGCAGGGCACAATGGGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6569_L1_Tile|1
TTAATAGGCAGGGCACAATGGGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6574_L1_Tile|1
AGGCAGGGCACAATGGGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6579_L1_Tile|1
GGGCACAATGGGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGA

>HPV72_Alpha_1491683_nt6584_L1_Tile|1
CAATGGGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAGGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6589_L1_Tile|1
GGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAGGGTGACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6614_L1_Tile|1
ATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAGGGTGACACCTGGTAGTTATATTTATTCTCCCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6624_L1_Tile|1
TGCCTCGGGTAGCGACAGGGTGACACCTGGTAGTTATATTTATTCTCCCACCCCCAGCGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6629_L1_Tile|1
CGGGTAGCGACAGGGTGACACCTGGTAGTTATATTTATTCTCCCACCCCCAGCGGCTCTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6809_L1_Tile|1
GTACTAATGTAAC TATTTGTACTGCCACAGCGTCCTCTGTATCAGAAATATACAGCTTCTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6814_L1_Tile|1
AATGTAAC TATTTGTACTGCCACAGCGTCCTCTGTATCAGAAATATACAGCTTCTAATTTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6819_L1_Tile|1
AACTATTTGTACTGCCACAGCGTCCTCTGTATCAGAAATATACAGCTTCTAATTTTTCGTGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6824_L1_Tile|1
TTTGTACTGCCACAGCGTCCTCTGTATCAGAAATATACAGCTTCTAATTTTTCGTGAGTATC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6844_L1_Tile|1
TCTGTATCAGAAATATACAGCTTCTAATTTTTCGTGAGTATCTTCGCCACACTGAGGAATTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7069_L1_Tile|1
ATTACCTGTCAAAAAGGGGGCTGCCACCCCTCCTCCTAAAGAAGATCCATATGCTAACTTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5595_L1_Tile|1
ATGCAGGTAGCACACGTTTGTGGCTGTGGGACACCCATATTTTCCTATCAAGGATTCTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5600_L1_Tile|1
GGTAGCACACGTTTGTGGCTGTGGGACACCCATATTTTCCTATCAAGGATTCTCAAAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5610_L1_Tile|1
GTTTGTGGCTGTGGGACACCCATATTTTCCTATCAAGGATTCTCAAAAAACGTAAAACCA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5620_L1_Tile|1
TGTGGGACACCCATATTTTCCTATCAAGGATTCTCAAAAAACGTAAAACCATAGTTCCTAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5625_L1_Tile|1
GACACCCATATTTTCCTATCAAGGATTCTCAAAAAACGTAAAACCATAGTTCCTAAAGTTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5630_L1_Tile|1
CCATATTTTCCTATCAAGGATTCTCAAAAAACGTAAAACCATAGTTCCTAAAGTTTCAGGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5850_L1_Tile|1
CATTTATGAATAAATTAGATGATACTGAAAATGCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5860_L1_Tile|1
TAAATTAGATGATACTGAAAATGCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5865_L1_Tile|1
TAGATGATACTGAAAATGCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAGAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5870_L1_Tile|1
GATACTGAAAATGCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAGAATGTATG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5875_L1_Tile|1
TGAAAATGCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAGAATGTATGTCAGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5880_L1_Tile|1
ATGCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAGAATGTATGTCAGTGGATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5885_L1_Tile|1
CCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAGAATGTATGTCAGTGGATTATAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6010_L1_Tile|1
ATGTACTTCACAACTGTTAATACTGGTGATTGTCCCCACTGGAATTAAAGAACACCCCC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6015_L1_Tile|1
CTTCACAAACTGTTAATACTGGTGATTGTCCCCACTGGAATTAAAGAACACCCCCTATAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6255_L1_Tile|1
TTGTTTCGACACTTATTTAACAGGGCTGGTGATACCGGTGATAAAATCCCAGATGACCTAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6265_L1_Tile|1

CTTATTTAACAGGGCTGGTGATACCGGTGATAAAATCCCAGATGACCTAATGATTAAAGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6285_L1_Tile|1
ATACCGGTGATAAAATCCCAGATGACCTAATGATTAAAGGCACAGGCAATACTGCAACAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6495_L1_Tile|1
CTACTAGAAGCACTAATTTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6500_L1_Tile|1
AGAAGCACTAATTTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6505_L1_Tile|1
CACTAATTTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6510_L1_Tile|1
ATTTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6515_L1_Tile|1
TCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCTAATTTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6520_L1_Tile|1
ATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCTAATTTTAAGGA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6525_L1_Tile|1
TAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCTAATTTTAAGGAATATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6920_L1_Tile|1
GCACGTCCTAAGTTACAAGCTTCTAAACGTTCTGCATCTGCTACCACAAGTGCCACACCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6925_L1_Tile|1
TCCTAAGTTACAAGCTTCTAAACGTTCTGCATCTGCTACCACAAGTGCCACACCTAAGAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt5714_L1_Tile|1
ACTTGCTGTAGGAAATCCCTATTTCCCTATAAAACAGGTTAACAAAACAGTTGTTCCCTAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt5719_L1_Tile|1
CTGTAGGAAATCCCTATTTCCCTATAAAACAGGTTAACAAAACAGTTGTTCCCTAAAGTGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt5724_L1_Tile|1
GGAAATCCCTATTTCCCTATAAAACAGGTTAACAAAACAGTTGTTCCCTAAAGTGTCTGGA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6099_L1_Tile|1
AAGCAATGTTCTAATGTTACTGTAAAGCCAGGCGATTGCCCTGCATTAGAATTAATTACT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6104_L1_Tile|1
ATGTTCTAATGTTACTGTAAAGCCAGGCGATTGCCCTGCATTAGAATTAATTACTAGTGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6109_L1_Tile|1
CTAATGTTACTGTAAAGCCAGGCGATTGCCCTGCATTAGAATTAATTACTAGTGTAAATTC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6374_L1_Tile|1
TGGAACAGTGGGTGAGGACATTCCCCAGGACCTATATATTAAGGGTACTACACGTGGTAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6399_L1_Tile|1
CAGGACCTATATATTAAGGGTACTACACGTGGTACACTTGCCAATGCTATTTACTTTAAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6404_L1_Tile|1
CCTATATATTAAGGGTACTACACGTGGTACACTTGCCAATGCTATTTACTTTAATACCCC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6594_L1_Tile|1
AGTACTAACATGACAGTGTGTGCGCCTACTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6599_L1_Tile|1
TAACATGACAGTGTGTGCGCCTACTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6604_L1_Tile|1
TGACAGTGTGTGCGCCTACTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGACT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6609_L1_Tile|1
GTGTGTGCGCCTACTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGACTACAAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6619_L1_Tile|1
CTACTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGACTACAAACAATACATGA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6624_L1_Tile|1
ACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGACTACAAACAATACATGAGACAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7014_L1_Tile|1
CGCTCTTCGGTTTCGTGTAGGTAAAAAGCGTTCGGCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7029_L1_Tile|1
GTAGGTAAAAAGCGTTCGGCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCT

>HPV74_Alpha_27462483_nt7034_L1_Tile|1
TAAAAAGCGTTCGGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGGAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7041_L1_Tile|1
CGTTCGGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGGAAACGATAG
>HPV75_Beta_2911544_nt6142_L1_Tile|2
CTTTGTTCAATAAAGTAAAGGATACTGAAAATTCAAATAATTATATAACAATGTCTAAAG
>HPV75_Beta_2911544_nt7112_L1_Tile|1
AAAGAAAAGATCCTTATGAGCAATATACTTTCTGGCCTGTGGATCTAACTGAAAAATTATC
>HPV75_Beta_2911544_nt7122_L1_Tile|2
CCTTATGAGCAATATACTTTCTGGCCTGTGGATCTAACTGAAAAATTATCGTTGGATTTG
>HPV75_Beta_2911544_nt7187_L1_Tile|1
ATACTCGTTAGGACGCAAATTCCTTTTTTCAGGCAGGCTTACGAAGGGCTTCCAAGGTAAC
>HPV75_Beta_2911544_nt7192_L1_Tile|1
CGTTAGGACGCAAATTCCTTTTTTCAGGCAGGCTTACGAAGGGCTTCCAAGGTAACCAGAA
>HPV76_Beta_2911551_nt6035_L1_Tile|1
TACTACCAGATCCCAATAGATTTCGCCTTGGTAGACATGAATGTCTATAATCCTGAGAAGG
>HPV76_Beta_2911551_nt6045_L1_Tile|1
TCCCAATAGATTTCGCCTTGGTAGACATGAATGTCTATAATCCTGAGAAGGAAAGACTGGT
>HPV76_Beta_2911551_nt6050_L1_Tile|1
ATAGATTTCGCCTTGGTAGACATGAATGTCTATAATCCTGAGAAGGAAAGACTGGTTTGGG
>HPV76_Beta_2911551_nt6330_L1_Tile|1
TGATGCTGACAGAGGGGTAGGCAAATGTCCACCTTTGGAAGTGGTAAATACTGTAATAGA
>HPV76_Beta_2911551_nt6335_L1_Tile|1
CTGACAGAGGGGTAGGCAAATGTCCACCTTTGGAAGTGGTAAATACTGTAATAGAAGATG
>HPV76_Beta_2911551_nt6340_L1_Tile|1
AGAGGGGTAGGCAAATGTCCACCTTTGGAAGTGGTAAATACTGTAATAGAAGATGGAGAT
>HPV76_Beta_2911551_nt7145_L1_Tile|1
AGGATCCATATGAGCAATACAATTTTTGGCAAGTGGATCTAACTGAGAAATTGTCATTAG
>HPV76_Beta_2911551_nt7150_L1_Tile|1
CCATATGAGCAATACAATTTTTGGCAAGTGGATCTAACTGAGAAATTGTCATTAGATTTG
>HPV76_Beta_2911551_nt7215_L1_Tile|1
ATATTCCTTAGGACGCAAGTTTCTGTTTCAAGCAGGCCTGCGACGGGCTTCCAGAGTATC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5914_L1_Tile|1
TGTTAACTGTAGGTCATCCCTATTTTGCTATTCCCAAACCTTCTGGTACTAAGGTGGATG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6284_L1_Tile|1
GGGGGAATACTGGGGTAAGGGTACCCCTTGTGCACGTACTAATACTACCCCAGGAGACTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6289_L1_Tile|1
AATACTGGGGTAAGGGTACCCCTTGTGCACGTACTAATACTACCCCAGGAGACTGTCCTC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6304_L1_Tile|1
GTACCCCTTGTGCACGTACTAATACTACCCCAGGAGACTGTCCTCCCTTGGAGTTAATGA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6309_L1_Tile|1
CCTTGTGCACGTACTAATACTACCCCAGGAGACTGTCCTCCCTTGGAGTTAATGACATCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6319_L1_Tile|1
GTACTAATACTACCCCAGGAGACTGTCCTCCCTTGGAGTTAATGACATCTTATATTCAGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6564_L1_Tile|1
CACTTTTTCAATCGTGCGGGTGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6569_L1_Tile|1
TTTCAATCGTGCGGGTGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6574_L1_Tile|1
ATCGTGCGGGTGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6579_L1_Tile|1
GCGGGTGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6584_L1_Tile|1
TGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6589_L1_Tile|1

TTGGAGACAAAATTCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6594_L1_Tile|1
GACAAAATTCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCGGCAGT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6599_L1_Tile|1
AATTCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCGGCAGTGCTAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6604_L1_Tile|1
CAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAGACTCCCGGCAGTGCTATATACA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6804_L1_Tile|1
AGCACAAATATGTCTCTCAGTGCCTCCACTGAGTCTCAAACCCCATCTACCTATGATGCC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6809_L1_Tile|1
AAATATGTCTCTCAGTGCCTCCACTGAGTCTCAAACCCCATCTACCTATGATGCCACTAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6814_L1_Tile|1
TGTCTCTCAGTGCCTCCACTGAGTCTCAAACCCCATCTACCTATGATGCCACTAAAATAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6819_L1_Tile|1
CTCAGTGCCTCCACTGAGTCTCAAACCCCATCTACCTATGATGCCACTAAAATAAAGGAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt7229_L1_Tile|1
GGTTCCCTCTCGCAAACGCCGGCGCCACCCCTCCCCAGCTTCGACCAAACGGAAGCG
>HPV77_Alpha_2911558_nt7242_L1_Tile|2
AAACGCCGGCGCCACCCCTCCCCAGCTTCGACCAAACGGAAGCGCTCCAAAAGTGA
>HPV80_Beta_2911565_nt6084_L1_Tile|1
TTTATTTAATAAAGTTAAGGACACAGAAAATAATAGTGGCTACCAGGGAGGTTCTACTGA
>HPV80_Beta_2911565_nt6089_L1_Tile|1
TTAATAAAGTTAAGGACACAGAAAATAATAGTGGCTACCAGGGAGGTTCTACTGATGACA
>HPV80_Beta_2911565_nt6094_L1_Tile|1
AAAGTTAAGGACACAGAAAATAATAGTGGCTACCAGGGAGGTTCTACTGATGACAGACAG
>HPV80_Beta_2911565_nt6099_L1_Tile|1
TAAGGACACAGAAAATAATAGTGGCTACCAGGGAGGTTCTACTGATGACAGACAGAATAC
>HPV80_Beta_2911565_nt6249_L1_Tile|1
AGAAGAAAATAACCAAGCTGGAAAATGTCTCCATTAGAACTTAAAAATACTGTGATTGA
>HPV80_Beta_2911565_nt6579_L1_Tile|1
ACAAACAGGCCAGCAACAACGTGTTTTAGCAAATTCACATATTTTCCTACTGTTAGTGG
>HPV80_Beta_2911565_nt6589_L1_Tile|1
CAGCAACAACGTGTTTTAGCAAATTCACATATTTTCCTACTGTTAGTGGCTCTTTAGTA
>HPV80_Beta_2911565_nt6594_L1_Tile|1
ACAACGTGTTTTAGCAAATTCACATATTTTCCTACTGTTAGTGGCTCTTTAGTAACTTC
>HPV80_Beta_2911565_nt6734_L1_Tile|1
TGTTTATTACTGTTGCTGATAATACAAGAAACACTAATTTACCATAAGTGTTACTTCTG
>HPV80_Beta_2911565_nt6744_L1_Tile|1
TGTTGCTGATAATACAAGAAACACTAATTTACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTAC
>HPV80_Beta_2911565_nt6749_L1_Tile|1
CTGATAATACAAGAAACACTAATTTACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAA
>HPV80_Beta_2911565_nt6754_L1_Tile|1
AATACAAGAAACACTAATTTACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAA
>HPV80_Beta_2911565_nt6769_L1_Tile|1
AATTTACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAATATAATACACAAAAT
>HPV80_Beta_2911565_nt6774_L1_Tile|1
CACCATAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAATATAATACACAAAATATTAG
>HPV80_Beta_2911565_nt7139_L1_Tile|1
CTTTAGGAAGGAAATTTATATTTTCAGGCAGGTTTACAAAGACGTCCCAAACCATCAGAT
>HPV80_Beta_2911565_nt7144_L1_Tile|1
GGAAGGAAATTTATATTTTCAGGCAGGTTTACAAAGACGTCCCAAACCATCAGATCTTCT
>HPV80_Beta_2911565_nt7149_L1_Tile|1
GAAATTTATATTTTCAGGCAGGTTTACAAAGACGTCCCAAACCATCAGATCTTCTGTAAA
>HPV80_Beta_2911565_nt7154_L1_Tile|1
TTATATTTTCAGGCAGGTTTACAAAGACGTCCCAAACCATCAGATCTTCTGTAAAAGTTT

>HPV81_Alpha_40804509_nt5775_L1_Tile|1
ATGTTGTTGGCACTGATTTTTACTTGTTCCTTCTTATATATTCTTCCCTAAAAACATA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5780_L1_Tile|1
GTTGGCACTGATTTTTACTTGTTCCTTCTTATATATTCTTCCCTAAAAACATAAACGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5985_L1_Tile|1
CTTACTGTAGGCATCCATATTGTACATTAAC TATTGGTACCCAAGGAAAGCGTTCCACT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5990_L1_Tile|1
TGTAGGGCATCCATATTGTACATTAAC TATTGGTACCCAAGGAAAGCGTTCCACTATTCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5995_L1_Tile|1
GGCATCCATATTGTACATTAAC TATTGGTACCCAAGGAAAGCGTTCCACTATTCCCAAGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt6275_L1_Tile|1
CAGTGAGGACAGTCGTGACAATATTT CAGTTGATTATAAGCAAACACAATTATTAATTAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt6355_L1_Tile|1
GGGAGCACTGGGCCCCGGGTACCTTTTGTGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6370_L1_Tile|1
GGGGTACCTTTTGTGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTTGGAGTTTA
>HPV81_Alpha_40804509_nt6375_L1_Tile|1
ACCTTTTGTGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTTGGAGTTTAAAAAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt6380_L1_Tile|1
TTGTGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTTGGAGTTTAAAAATACAAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6675_L1_Tile|1
GCAGACTTATATATGAAGGGTGCTGCAGGCAGTGACAGAATAACCCCCGGGAGTTATATT
>HPV81_Alpha_40804509_nt6870_L1_Tile|1
ACTACCAGAAGCACCAATTTTACTATTTGCACAGCTACATCTGCTGCTGCAGAATACAAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt5927_L1_Tile|1
ATCCTTTATTTAATAAGTATGATGATACTGAAAAC TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACC
>HPV82_Alpha_6970427_nt5932_L1_Tile|1
TTATTTAATAAGTATGATGATACTGAAAAC TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACCAACAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt5937_L1_Tile|1
TAATAAGTATGATGATACTGAAAAC TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACCAACAGGATGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5942_L1_Tile|2
AGTATGATGATACTGAAAAC TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACCAACAGGATGTTAGGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt5947_L1_Tile|1
GATGATACTGAAAAC TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACCAACAGGATGTTAGGGACAAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt5952_L1_Tile|1
TACTGAAAAC TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACCAACAGGATGTTAGGGACAACATATC
>HPV82_Alpha_6970427_nt5957_L1_Tile|1
AAAAC TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACCAACAGGATGTTAGGGACAACATATCTGTGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt5962_L1_Tile|2
TCTAGGTTTGCCAATGGCAACGACCAACAGGATGTTAGGGACAACATATCTGTGGACAAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6187_L1_Tile|1
GCCATGGATTTTGCTAATTTACAAGCTACTAAATCAGATGTTCCATTGGATATTGCTCAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6207_L1_Tile|1
ACAAGCTACTAAATCAGATGTTCCATTGGATATTGCTCAGTCTGTGTGTAAATACCCTGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6322_L1_Tile|2
AGGGAGCAAATATTTGCTAGGCATTACTATAATAAGGCTGGTGTGGTTGGTGATGCCATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6327_L1_Tile|1
GCAAATATTTGCTAGGCATTACTATAATAAGGCTGGTGTGGTTGGTGATGCCATTCCAGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6337_L1_Tile|1
GCTAGGCATTACTATAATAAGGCTGGTGTGGTTGGTGATGCCATTCCAGACAAGGCTTAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6352_L1_Tile|1
AATAAGGCTGGTGTGGTTGGTGATGCCATTCCAGACAAGGCTTATATTAAGGGTACTGGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6372_L1_Tile|1
TGATGCCATTCCAGACAAGGCTTATATTAAGGGTACTGGTGCTGGCCGCGACCCTATTAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6562_L1_Tile|2

ATTACTTGTGTTGACACTACTAAAAGTACCAATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6567_L1_Tile|1
TTGTGTTGACACTACTAAAAGTACCAATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6572_L1_Tile|1
TTGACACTACTAAAAGTACCAATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6577_L1_Tile|1
ACTACTAAAAGTACCAATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6582_L1_Tile|2
TAAAAGTACCAATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6587_L1_Tile|1
GTACCAATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTACTCCAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6592_L1_Tile|1
AATTTAACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTACTCCAGCAAAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6597_L1_Tile|1
AACCATTAGCACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTACTCCAGCAAACTTTAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6607_L1_Tile|1
ACTGCTGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTACTCCAGCAAACTTTAAAGCAGTACATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6612_L1_Tile|1
TGTTACTCCATCTGTTGCACAAACATTTACTCCAGCAAACTTTAAAGCAGTACATTAGGCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6702_L1_Tile|2
TCAATTGTGTAAAATCACTTTAACTACTGAAATTATGGCTTACCTGCACACCATGGATTTC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6707_L1_Tile|1
TGTGTAAAATCACTTTAACTACTGAAATTATGGCTTACCTGCACACCATGGATTCTACAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6712_L1_Tile|1
AAAATCACTTTAACTACTGAAATTATGGCTTACCTGCACACCATGGATTCTACAATTTTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6717_L1_Tile|1
CACTTTAACTACTGAAATTATGGCTTACCTGCACACCATGGATTCTACAATTTTAGAACA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6722_L1_Tile|2
TAACTACTGAAATTATGGCTTACCTGCACACCATGGATTCTACAATTTTAGAACAGTGGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6792_L1_Tile|1
AACATTGCCCCCTCCGCTAGTTTGGAGGATGCCTATCGATTTGTAAAAAATGCAGCAAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6882_L1_Tile|2
TAAAGAAGACCCTTTGGCAAATATAAATTTTGGGAATGTAGACCTTAAGGAACGCTTTTC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5868_L1_Tile|1
TCTTACCGTAGGACATCCATATTATCCTGTACAGGTTAATGGTCAAGGAAAAAAGCCAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5873_L1_Tile|1
CCGTAGGACATCCATATTATCCTGTACAGGTTAATGGTCAAGGAAAAAAGCCACTATCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5878_L1_Tile|1
GGACATCCATATTATCCTGTACAGGTTAATGGTCAAGGAAAAAAGCCACTATCCCCAAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6158_L1_Tile|1
CAGACACAGATAGGCGTGACAATGTCTCAGTGGATTACAAACAAACGCAGCTTATTATCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6163_L1_Tile|1
ACAGATAGGCGTGACAATGTCTCAGTGGATTACAAACAAACGCAGCTTATTATCATTGGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6168_L1_Tile|1
TAGGCGTGACAATGTCTCAGTGGATTACAAACAAACGCAGCTTATTATCATTGGGTGTAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6178_L1_Tile|1
AATGTCTCAGTGGATTACAAACAAACGCAGCTTATTATCATTGGGTGTAAGCCCCCAATA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6528_L1_Tile|1
TAGGCATGGCACTATGGGCGAGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6533_L1_Tile|1
ATGGCACTATGGGCGAGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6538_L1_Tile|1
ACTATGGGCGAGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6543_L1_Tile|1
GGGCGAGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACAC

>HPV83_Alpha_5059324_nt6548_L1_Tile|1
AGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6553_L1_Tile|1
CTGCCTACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6558_L1_Tile|1
TACCTCTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6563_L1_Tile|1
CTTATTATATTCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTATG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6573_L1_Tile|1
TCCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTATGCTCCTACTCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6583_L1_Tile|1
TCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTATGCTCCTACTCCTAGTGGCTCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6593_L1_Tile|1
GTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTATGCTCCTACTCCTAGTGGCTCCCTGGTATCGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6598_L1_Tile|1
AACACTCTTACCAGCTACATCTATGCTCCTACTCCTAGTGGCTCCCTGGTATCGTCCGAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6838_L1_Tile|1
CGCCACACAGAGGAATATGACTTACAGGTTATATTGCAACTTTGCAAAATACATCTGACC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6843_L1_Tile|1
CACAGAGGAATATGACTTACAGGTTATATTGCAACTTTGCAAAATACATCTGACCCCTGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6858_L1_Tile|1
CTTACAGGTTATATTGCAACTTTGCAAAATACATCTGACCCCTGAAATTATGGCATACT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7108_L1_Tile|1
AAACTATCCACAGATTTAGATCAGTTTCCTTTGGGCCGTAAGTTTCTTTTGCAACTGGGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt6196_L1_Tile|1
ATGTACTAATGTGCAATATCGTGCGGGTGATTGCCCCCCTTTGCAGTTCACCTAATTCTAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6201_L1_Tile|1
CTAATGTGCAATATCGTGCGGGTGATTGCCCCCCTTTGCAGTTCACCTAATTCTACCATTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6466_L1_Tile|1
GGGTACTATGGGTGAGGAGGTGCCTCAGTCTTTTTTACCTTAAGGGGACCTCCTCCCGGGC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6471_L1_Tile|1
CTATGGGTGAGGAGGTGCCTCAGTCTTTTTTACCTTAAGGGGACCTCCTCCCGGGCAACCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6481_L1_Tile|1
GGAGGTGCCTCAGTCTTTTTTACCTTAAGGGGACCTCCTCCCGGGCAACCCCTTAGCAGTTC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6486_L1_Tile|1
TGCCTCAGTCTTTTTTACCTTAAGGGGACCTCCTCCCGGGCAACCCCTTAGCAGTTCCTGTGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt6691_L1_Tile|1
CACCAATTTTACTATTAGTGCTGCTACCAACACCGAATCAGAATATAAACCTACCAATTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt6696_L1_Tile|1
ATTTTACTATTAGTGCTGCTACCAACACCGAATCAGAATATAAACCTACCAATTTTAAGG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6701_L1_Tile|1
ACTATTAGTGCTGCTACCAACACCGAATCAGAATATAAACCTACCAATTTTAAGGAATAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt7076_L1_Tile|1
TTTTTATTGCAGTCTGCCCCACGTTCCACCCCTGGTGTCCCGTAAACGTACAGCGTCTGCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt7111_L1_Tile|1
GTCCCGTAAACGTACAGCGTCTGCCTCTACCCCCCTGCCTCCAAACGGCGTAAGGCCAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7116_L1_Tile|1
GTAAACGTACAGCGTCTGCCTCTACCCCCCTGCCTCCAAACGGCGTAAGGCCAAAAAGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7118_L1_Tile|1
AAACGTACAGCGTCTGCCTCTACCCCCCTGCCTCCAAACGGCGTAAGGCCAAAAAGTAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5721_L1_Tile|1
TGGCAGCTCTAGGCTTCTAACCGTTGGACATCCATACTATAAAGTTACCTCAAATGGAGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5736_L1_Tile|1
TCTAACCGTTGGACATCCATACTATAAAGTTACCTCAAATGGAGGCCGCAAGCAAGACAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5966_L1_Tile|1

GTCATCCCTTTTACAACAAATTGGATGACACAGAAAATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5971_L1_Tile|1
CCCTTTTACAACAAATTGGATGACACAGAAAATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5976_L1_Tile|1
TTACAACAAATTGGATGACACAGAAAATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5981_L1_Tile|1
ACAAATTGGATGACACAGAAAATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGACACTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5986_L1_Tile|1
TTGGATGACACAGAAAATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGACACTAGAGAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6001_L1_Tile|1
AATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGACACTAGAGATAATGTGTCAGTGGAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6131_L1_Tile|1
CCTGTAAGCCCGGTGCTGTGCAAACAGGTGACTGTCCTCCATTAGAACTAGTAAATACAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6136_L1_Tile|1
AAGCCCGGTGCTGTGCAAACAGGTGACTGTCCTCCATTAGAACTAGTAAATACACCTATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6376_L1_Tile|1
TTTGCACGCCATTTTGGAAACAGGGGAGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6381_L1_Tile|1
ACGCCATTTTGGAAACAGGGGAGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6386_L1_Tile|1
ATTTTTGGAAACAGGGGAGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6391_L1_Tile|1
TGGAACAGGGGAGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6396_L1_Tile|1
CAGGGGAGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6401_L1_Tile|1
GAGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6406_L1_Tile|1
ACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6411_L1_Tile|1
AGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6416_L1_Tile|1
ATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6421_L1_Tile|1
GTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6426_L1_Tile|1
GGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTTATTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6431_L1_Tile|1
CATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTTATTCTCCAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6436_L1_Tile|1
TATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTTATTCTCCATCACCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6441_L1_Tile|1
AAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTTATTCTCCATCACCTAGTGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6446_L1_Tile|1
GTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTTATTCTCCATCACCTAGTGGGTCTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6586_L1_Tile|1
CACAACCAATTATTTATAACTGTGGTAGACACAACACGTAGTACCAATCTTACCTTATCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6606_L1_Tile|1
TGTGGTAGACACAACACGTAGTACCAATCTTACCTTATCTACTGCAACTACTAATCCAGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6611_L1_Tile|1
TAGACACAACACGTAGTACCAATCTTACCTTATCTACTGCAACTACTAATCCAGTTCCAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6616_L1_Tile|1
ACAACACGTAGTACCAATCTTACCTTATCTACTGCAACTACTAATCCAGTTCCATCTATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6621_L1_Tile|1
ACGTAGTACCAATCTTACCTTATCTACTGCAACTACTAATCCAGTTCCATCTATATATGA

>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6661_L1_Tile|1
CCAGTTCCATCTATATATGAACCTTCTAAATTTAAGGAATACACACGCCATGTAGAGGAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6741_L1_Tile|1
TCAATTGTGTAAAATTACACTTACTACTGATGTTATGTCTTATATACATAACATGGATCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6746_L1_Tile|1
TGTGTAAAATTACACTTACTACTGATGTTATGTCTTATATACATAACATGGATCCTACTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6751_L1_Tile|1
AAAATTACACTTACTACTGATGTTATGTCTTATATACATAACATGGATCCTACTATTTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6756_L1_Tile|1
TACACTTACTACTGATGTTATGTCTTATATACATAACATGGATCCTACTATTTTAGATAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6761_L1_Tile|1
TTACTACTGATGTTATGTCTTATATACATAACATGGATCCTACTATTTTAGATAGTTGGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6826_L1_Tile|1
GGTGTAGTCCCTCCCCATCTGCTAGCTTAGTAGATACATATAGGTTTTTACAGTCATCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6886_L1_Tile|1
GCCATTACATGTCAGAAGGATGTGGTTGTTCCACAAAAAAGGATCCATATGAAAAATTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6931_L1_Tile|1
CCATATGAAAAATTAAAGTTTTGGAATGTGGATCTTAAAGAACATTTTTCATCTGATTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7011_L1_Tile|1
TAAGTTTTTATTACAGGCTGGGTTACGACCTAAACCCACCATAGGCCCTAGGAAACGTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7026_L1_Tile|1
GGCTGGGTTACGACCTAAACCCACCATAGGCCCTAGGAAACGTGTGCTTCTACTTCTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7031_L1_Tile|1
GGTTACGACCTAAACCCACCATAGGCCCTAGGAAACGTGTTGCTTCTACTTCTACTGCTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7036_L1_Tile|1
CGACCTAAACCCACCATAGGCCCTAGGAAACGTGTTGCTTCTACTTCTACTGCTACTAGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7041_L1_Tile|1
TAAACCCACCATAGGCCCTAGGAAACGTGTTGCTTCTACTTCTACTGCTACTAGGCCCTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7051_L1_Tile|1
ATAGGCCCTAGGAAACGTGTTGCTTCTACTTCTACTGCTACTAGGCCCTCCAAACGGAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7056_L1_Tile|1
CCCTAGGAAACGTGTTGCTTCTACTTCTACTGCTACTAGGCCCTCCAAACGGAAACGTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7061_L1_Tile|1
GGAAACGTGTTGCTTCTACTTCTACTGCTACTAGGCCCTCCAAACGGAAACGTACTGCTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6186_L1_Tile|1
AGTGTGTTCTAATGTGCAGCCTAAACCAGGGGACTGCCCCCATTTACAGTTTACCAATTC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6486_L1_Tile|1
AACTTATTATTTAAAGGGCTCCTCAGGCCCCCGAGGATCCCTTAGCAGTTATGTATATGC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6491_L1_Tile|1
ATTATTTAAAGGGCTCCTCAGGCCCCCGAGGATCCCTTAGCAGTTATGTATATGCACCCA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6701_L1_Tile|1
TTAGTGCCGCTACCCAGAAGGCCTCTGAATATGACCCCTCTAAGTTTAAATGAATATCTAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5878_L1_Tile|1
CCTGCTTACTGTGGGTCACCCTTACTATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5883_L1_Tile|1
TTACTGTGGGTCACCCTTACTATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5888_L1_Tile|1
GTGGGTCACCCTTACTATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAATCCAAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5893_L1_Tile|1
TCACCCTTACTATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAATCCAATATTCC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5898_L1_Tile|1
CTTACTATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAATCCAATATTCCAAAGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5903_L1_Tile|1
TATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAATCCAATATTCCAAAGGTGTCT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5908_L1_Tile|1

AGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAATCCAATATTCCAAAGGTGTCTGGCTA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6243_L1_Tile|1
GTAAGCCCTCTATAGGGGAGCATTGGAGTAAGGGTACTGTTTGTGCCAATGTACAGCCCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6248_L1_Tile|1
CCCTCTATAGGGGAGCATTGGAGTAAGGGTACTGTTTGTGCCAATGTACAGCCCAAGACA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6253_L1_Tile|1
TATAGGGGAGCATTGGAGTAAGGGTACTGTTTGTGCCAATGTACAGCCCAAGACAGGGGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6268_L1_Tile|1
GAGTAAGGGTACTGTTTGTGCCAATGTACAGCCCAAGACAGGGGATTGTCCACCATTGCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6283_L1_Tile|1
TTGTGCCAATGTACAGCCCAAGACAGGGGATTGTCCACCATTGCAATTTACTAATTCTAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6288_L1_Tile|1
CCAATGTACAGCCCAAGACAGGGGATTGTCCACCATTGCAATTTACTAATTCTACTATTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6558_L1_Tile|1
CTATGGGCGAGGAGTCCCTGACACCTATTTTTTTGAAGGGGGCGTCGTCTGGCCCTAGGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6568_L1_Tile|1
GGAGGTCCCTGACACCTATTTTTTTGAAGGGGGCGTCGTCTGGCCCTAGGGCCTCTTTAAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6583_L1_Tile|1
CTATTTTTTTGAAGGGGGCGTCGTCTGGCCCTAGGGCCTCTTTAAGCAGTTATGTGTATGC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6798_L1_Tile|1
TTAGTGCTGCCACTCAAACAACCACTGAATATGACCCACAAAGTTTAAGGAATATTTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5321_L1_Tile|1
GGCAACAACAACTGGGAAGCTGTTCCCTTCCGCCGGCTAAACCTGTGGCAAAAATATTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5326_L1_Tile|1
CAACAACCTGGGAAGCTGTTCCCTTCCGCCGGCTAAACCTGTGGCAAAAATATTATCTACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5336_L1_Tile|1
GGAAGCTGTTCCCTTCCGCCGGCTAAACCTGTGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5341_L1_Tile|1
CTGTTCCCTTCCGCCGGCTAAACCTGTGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATGTTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5356_L1_Tile|1
GCTAAACCTGTGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5361_L1_Tile|1
ACCTGTGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5366_L1_Tile|1
TGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCATGCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5376_L1_Tile|1
ATTATCTACAGATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCATGCTGGCACTGATCG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5381_L1_Tile|1
CTACAGATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCATGCTGGCACTGATCGTCTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5386_L1_Tile|1
GATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCATGCTGGCACTGATCGTCTGTTAACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5391_L1_Tile|1
TTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCATGCTGGCACTGATCGTCTGTTAACAGTAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5396_L1_Tile|1
TTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCATGCTGGCACTGATCGTCTGTTAACAGTAGACCATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5411_L1_Tile|1
TACATTTTCATGCTGGCACTGATCGTCTGTTAACAGTAGACCATCCCTACTATGAAATTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5426_L1_Tile|1
GCACTGATCGTCTGTTAACAGTAGACCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5436_L1_Tile|1
TCTGTTAACAGTAGACCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5441_L1_Tile|1
TAACAGTAGACCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAATTGAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5446_L1_Tile|1
GTAGACCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAATTGAGATTCCT

>HPV88_Gamma_167600365_nt5451_L1_Tile|1
CCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAATTGAGATTCCTAAGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5456_L1_Tile|1
CCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAATTGAGATTCCTAAGGTGTCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5461_L1_Tile|1
TATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAATTGAGATTCCTAAGGTGTCTGCATGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5516_L1_Tile|1
CATGCCAATATCGAGTGTTTAGGCTGAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5521_L1_Tile|1
CAATATCGAGTGTTTAGGCTGAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5526_L1_Tile|1
TCGAGTGTTTAGGCTGAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5531_L1_Tile|1
TGTTTAGGCTGAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5536_L1_Tile|1
AGGCTGAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5541_L1_Tile|1
GAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5546_L1_Tile|1
TGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGTGAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5551_L1_Tile|1
GATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5556_L1_Tile|1
AAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5566_L1_Tile|1
GCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5571_L1_Tile|1
AATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAAAGGTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5576_L1_Tile|1
ATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAAAGGTATTCAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5581_L1_Tile|1
TCAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAAAGGTATTCAAATTGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5586_L1_Tile|1
TTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5591_L1_Tile|1
ATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5596_L1_Tile|1
GAACGTGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5601_L1_Tile|1
TGAACGTTTAGTTTGAAATTAAAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5616_L1_Tile|1
GAAATTAAAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGTAGGTACTGCAGGTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5621_L1_Tile|1
TAAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGTAGGTACTGCAGGTATCCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5626_L1_Tile|1
GGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGTAGGTACTGCAGGTATCCTTTATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5631_L1_Tile|1
TCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGTAGGTACTGCAGGTATCCTTTATTTAACAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5636_L1_Tile|1
TTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGTAGGTACTGCAGGTATCCTTTATTTAACAAAGCTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5666_L1_Tile|1
CTGCAGGTATCCTTTATTTAACAAAGCTCCAGATACTGAAATCCTAATGATTATCCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5676_L1_Tile|1
TCCTTTATTTAACAAAGCTCCAGATACTGAAATCCTAATGATTATCCACCAGCTCAAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5681_L1_Tile|1

TATTTAACAAAGCTCCAGATACTGAAAATCCTAATGATTATCCACCAGCTCAAACAGATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5731_L1_Tile|1
CAAACAGATGAAGACAGACGTAACGTGTCTATGGACCCCAAACATACCCAATTATTTATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5736_L1_Tile|1
AGATGAAGACAGACGTAACGTGTCTATGGACCCCAAACATACCCAATTATTTATAATTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5741_L1_Tile|1
AAGACAGACGTAACGTGTCTATGGACCCCAAACATACCCAATTATTTATAATTGGTTGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5746_L1_Tile|1
AGACGTAACGTGTCTATGGACCCCAAACATACCCAATTATTTATAATTGGTTGCATTCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5751_L1_Tile|1
TAACGTGTCTATGGACCCCAAACATACCCAATTATTTATAATTGGTTGCATTCCTGCAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5756_L1_Tile|1
TGTCTATGGACCCCAAACATACCCAATTATTTATAATTGGTTGCATTCCTGCAGATGGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5761_L1_Tile|1
ATGGACCCCAAACATACCCAATTATTTATAATTGGTTGCATTCCTGCAGATGGTGAATAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5806_L1_Tile|1
GCAGATGGTGAATATTGGGATGTTGCTAAACCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5811_L1_Tile|1
TGGTGAATATTGGGATGTTGCTAAACCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5816_L1_Tile|1
AATATTGGGATGTTGCTAAACCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5826_L1_Tile|1
TGTTGCTAAACCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5831_L1_Tile|1
CTAAACCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5836_L1_Tile|1
CCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5841_L1_Tile|1
TGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5846_L1_Tile|1
GAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTATTCAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5851_L1_Tile|1
CAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTATTCAGGACGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5856_L1_Tile|1
GAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTATTCAGGACGGAACAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5861_L1_Tile|1
CAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTATTCAGGACGGAACAATGGGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5866_L1_Tile|1
GACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTATTCAGGACGGAACAATGGGTGACACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5901_L1_Tile|1
TCAGGACGGAACAATGGGTGACACAGGTTTTGGGGCAGCAAATTTAAGAACTTTTTGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5926_L1_Tile|1
GGTTTTGGGGCAGCAAATTTAAGAACTTTTTGCAAGACAAAGCAGGTGTTCCCTCTGGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5941_L1_Tile|1
AATTTTAAGAACTTTTTGCAAGACAAAGCAGGTGTTCCCTCTGGATATTATTAATGATATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5986_L1_Tile|1
ATTATTAATGATATATGTATGTATCCAGACTTCCTTAAAATGGACAAAGATGTTTATGGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5991_L1_Tile|1
TAATGATATATGTATCCAGACTTCCTTAAAATGGACAAAGATGTTTATGGCGATAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6011_L1_Tile|1
CAGACTTCCTTAAAATGGACAAAGATGTTTATGGCGATAAATGTTTCTTTTTTGGAAAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6016_L1_Tile|1
TTCCTTAAAATGGACAAAGATGTTTATGGCGATAAATGTTTCTTTTTTGGAAAACGTGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6031_L1_Tile|1
AAAGATGTTTATGGCGATAAATGTTTCTTTTTTGGAAAACGTGAGCAGTCGTATGCTCGC

>HPV88_Gamma_167600365_nt6041_L1_Tile|1
ATGGCGATAAAATGTTTCTTTTTTGGAAAACGTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6051_L1_Tile|1
ATGTTTCTTTTTTGGAAAACGTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6056_L1_Tile|1
TCTTTTTTGGAAAACGTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6066_L1_Tile|1
AAAACGTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAAATGGGAGATGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6071_L1_Tile|1
GTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAAATGGGAGATGCCATAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6076_L1_Tile|1
CAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAAATGGGAGATGCCATACCAGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6081_L1_Tile|1
GTATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAAATGGGAGATGCCATACCAGAGGGAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6086_L1_Tile|1
CTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAAATGGGAGATGCCATACCAGAGGGAAATAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6091_L1_Tile|1
CATTTTATGGCTCGTGAAGGTAAAAATGGGAGATGCCATACCAGAGGGAAATAAATACTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6096_L1_Tile|1
TATGGCTCGTGAAGGTAAAAATGGGAGATGCCATACCAGAGGGAAATAAATACTTATTGCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6106_L1_Tile|1
GAAGGTAAAAATGGGAGATGCCATACCAGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6116_L1_Tile|1
TGGGAGATGCCATACCAGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6121_L1_Tile|1
GATGCCATACCAGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6126_L1_Tile|1
CATACCAGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6131_L1_Tile|1
CAGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6136_L1_Tile|1
GGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6141_L1_Tile|1
TAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6161_L1_Tile|1
CAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6166_L1_Tile|1
GCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6171_L1_Tile|1
GAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6176_L1_Tile|1
TTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6181_L1_Tile|1
ATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6186_L1_Tile|1
ATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAACTTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6196_L1_Tile|1
TATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAACTTATTTAACAGACCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6201_L1_Tile|1
CCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAACTTATTTAACAGACCTTATTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6211_L1_Tile|1
AGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAACTTATTTAACAGACCTTATTGGCTACAGAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6221_L1_Tile|1
TTACTACTAGTGATTCTAACTTATTTAACAGACCTTATTGGCTACAGAGATCTTTAGGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6316_L1_Tile|1

GTTACTGTTCTTGATAACAGCAGGAATACTAATTTTACTCTTTCCATTTATAATCAGGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6321_L1_Tile|1
TGTTCTTGATAACAGCAGGAATACTAATTTTACTCTTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6326_L1_Tile|1
TTGATAACAGCAGGAATACTAATTTTACTCTTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6336_L1_Tile|1
CAGGAATACTAATTTTACTCTTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6341_L1_Tile|1
ATACTAATTTTACTCTTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6346_L1_Tile|1
AATTTTACTCTTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6351_L1_Tile|1
TACTCTTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6356_L1_Tile|1
TTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6361_L1_Tile|1
ATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6366_L1_Tile|1
TAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6371_L1_Tile|1
AGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6376_L1_Tile|1
GGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6381_L1_Tile|1
TATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6386_L1_Tile|1
GAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAGGAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6391_L1_Tile|1
CAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6396_L1_Tile|1
TACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6401_L1_Tile|1
ATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6406_L1_Tile|1
TCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTATATTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6411_L1_Tile|1
AGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTATATTCAGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6421_L1_Tile|1
CAGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTATATTCAGCTTTGTAGAGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6426_L1_Tile|1
TACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTATATTCAGCTTTGTAGAGTTCCTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6431_L1_Tile|1
GACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTATATTCAGCTTTGTAGAGTTCCTTTGGAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6451_L1_Tile|1
TTGGAAGCTATATTCAGCTTTGTAGAGTTCCTTTGGAGCCTGATATTTAGCTCACTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6456_L1_Tile|1
AGCTATATTCAGCTTTGTAGAGTTCCTTTGGAGCCTGATATTTAGCTCACTTAAATGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6566_L1_Tile|1
CTCCTCAGAGTATAGAGGACAATTATAGATATATAACATCTTTGGCAACAAGATGTCCTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6571_L1_Tile|1
CAGAGTATAGAGGACAATTATAGATATATAACATCTTTGGCAACAAGATGTCCTACTGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6576_L1_Tile|1
TATAGAGGACAATTATAGATATATAACATCTTTGGCAACAAGATGTCCTACTGAAAATCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6581_L1_Tile|1
AGGACAATTATAGATATATAACATCTTTGGCAACAAGATGTCCTACTGAAAATCCTGCTC

>HPV88_Gamma_167600365_nt6596_L1_Tile|1
ATATAACATCTTTGGCAACAAGATGTCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6601_L1_Tile|1
ACATCTTTGGCAACAAGATGTCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6606_L1_Tile|1
TTTGGCAACAAGATGTCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATAAAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6611_L1_Tile|1
CAACAAGATGTCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATAAAGATTATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6621_L1_Tile|1
TCCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6626_L1_Tile|1
CTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6631_L1_Tile|1
AATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6641_L1_Tile|1
CAGAAATACCTGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6646_L1_Tile|1
ATACCTGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6651_L1_Tile|1
TGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6656_L1_Tile|1
CTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6661_L1_Tile|1
AAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6666_L1_Tile|1
TTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAATTTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6676_L1_Tile|1
TGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAATTTAGCTTAGGTCGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6681_L1_Tile|1
AGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAATTTAGCTTAGGTCGCAAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6686_L1_Tile|1
ATTTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAATTTAGCTTAGGTCGCAAATTTTTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6691_L1_Tile|1
CAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAATTTAGCTTAGGTCGCAAATTTTTGTTCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6731_L1_Tile|1
GTCGCAAATTTTTGTTTCAAAGTGGTTTGCTGCCACAAAACGTGTCAGGACAGTTGCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6736_L1_Tile|1
AAATTTTTGTTCAAAGTGGTTTGCTGCCACAAAACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6761_L1_Tile|1
TGCCCACAAAACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6766_L1_Tile|1
ACAAAACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACAGTAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6771_L1_Tile|1
ACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACAGTAAAAAGAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6776_L1_Tile|1
TCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACAGTAAAAAGAAAACGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6784_L1_Tile|1
GTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACAGTAAAAAGAAAACGAACACGATAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5808_L1_Tile|1
TGTCCAAAGTTTAAAGTACGGACCGCTATGTCCAGCGTACCAACCTGTACTATTATGGAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5853_L1_Tile|1
TGTACTATTATGGAGGCAGCTCCCGCCTTATTACAGTTGGCCACCCTTATTATACTGTAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5868_L1_Tile|1
GCAGCTCCCGCCTTATTACAGTTGGCCACCCTTATTATACTGTACAGGTCAATGGTGCTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5873_L1_Tile|1

TCCCGCCTTATTACAGTTGGCCACCCTTATTATACTGTACAGGTCAATGGTGCTAACAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5883_L1_Tile|1
TTACAGTTGGCCACCCTTATTATACTGTACAGGTCAATGGTGCTAACAAAAAGGCCAACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5888_L1_Tile|1
GTTGGCCACCCTTATTATACTGTACAGGTCAATGGTGCTAACAAAAAGGCCAACATACCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5898_L1_Tile|1
CTTATTATACTGTACAGGTCAATGGTGCTAACAAAAAGGCCAACATACCTAAGGTATCAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6123_L1_Tile|1
TATACAACCGTTTGGATGACACTGAAAAATGCTTCCTTATTGGTTGCTGCAGATGTTGACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6138_L1_Tile|1
ATGACACTGAAAAATGCTTCCTTATTGGTTGCTGCAGATGTTGACAGTAGGGATAATATAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6143_L1_Tile|1
ACTGAAAAATGCTTCCTTATTGGTTGCTGCAGATGTTGACAGTAGGGATAATATATCTGTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6153_L1_Tile|1
CTTCCTTATTGGTTGCTGCAGATGTTGACAGTAGGGATAATATATCTGTTGACTATAAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6158_L1_Tile|1
TTATTGGTTGCTGCAGATGTTGACAGTAGGGATAATATATCTGTTGACTATAAACAAACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6273_L1_Tile|1
CTGTGTGCTCTAGTGTTGTGCCTCAGCAGGGGGATTGCCACCTTTGCAGTTGCTAAATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6278_L1_Tile|1
TGCTCTAGTGTTGTGCCTCAGCAGGGGGATTGCCACCTTTGCAGTTGCTAAATACTACT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6538_L1_Tile|1
TAATAGGCAGGGTGTTATGGGTGAGGACCTGCCAAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6548_L1_Tile|1
GGTGTTATGGGTGAGGACCTGCCAAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6553_L1_Tile|1
TATGGGTGAGGACCTGCCAAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6558_L1_Tile|1
GTGAGGACCTGCCAAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6563_L1_Tile|1
GACCTGCCAAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTACT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6568_L1_Tile|1
GCCAAAAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTACTAGCTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6573_L1_Tile|1
AAACCTTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6578_L1_Tile|1
TTGTATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6583_L1_Tile|1
TATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCCCCAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6598_L1_Tile|1
TGCTAATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCCCCAACGCCAGTGGGTCTAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6603_L1_Tile|1
ATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCCCCAACGCCAGTGGGTCTATGGTTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6608_L1_Tile|1
AGAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCCCCAACGCCAGTGGGTCTATGGTTACATCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6778_L1_Tile|1
TACCAACCTTACCATTTGTGCTGCTTCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6783_L1_Tile|1
ACCTTACCATTTGTGCTGCTTCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTTTAAGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6788_L1_Tile|1
ACCATTTGTGCTGCTTCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTTTAAGGAATAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6793_L1_Tile|1
TTGTGCTGCTTCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTTTAAGGAATATTTAAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6798_L1_Tile|1
CTGCTTCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTTTAAGGAATATTTAAGACACA

>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6858_L1_Tile|1
CTGAGGAATATGACCTACAGTTTATATTCCAACCTATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6863_L1_Tile|1
GAATATGACCTACAGTTTATATTCCAACCTATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAATG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6873_L1_Tile|1
TACAGTTTATATTCCAACCTATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6878_L1_Tile|1
TTTATATTCCAACCTATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTACACAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6883_L1_Tile|1
ATTCCAACCTATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTACACAATATGAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6888_L1_Tile|1
AACTATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTACACAATATGAATGACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6893_L1_Tile|1
TGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTACACAATATGAATGACACATTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6898_L1_Tile|1
GATACACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTACACAATATGAATGACACATTGTTAGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6903_L1_Tile|1
ACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTACACAATATGAATGACACATTGTTAGATGAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7198_L1_Tile|1
ACCTCGCAAGCGTGCTGCCCCGCTGTCTACCTCCAAAGCCCCCAAACGCAAAAAGGCCAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt5908_L1_Tile|1
GTTCCCGACTGTTAACTGTTGGCCATCCTTATTTTGCTATGCAAAAAGCAATCAGGAAAAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6258_L1_Tile|1
CAGCTATTTATTATAGGGTGCAAACCTCCTTTAGGCGAGCACTGGGCAAAGGGTACCCCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6263_L1_Tile|1
ATTTATTATAGGGTGCAAACCTCCTTTAGGCGAGCACTGGGCAAAGGGTACCCCATGCAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6273_L1_Tile|1
GGGTGCAAACCTCCTTTAGGCGAGCACTGGGCAAAGGGTACCCCATGCAATATGTCTAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6278_L1_Tile|1
CAAACCTCCTTTAGGCGAGCACTGGGCAAAGGGTACCCCATGCAATATGTCTAATGTACA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6283_L1_Tile|1
CTCCTTTAGGCGAGCACTGGGCAAAGGGTACCCCATGCAATATGTCTAATGTACAGGCTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6308_L1_Tile|1
GGGTACCCCATGCAATATGTCTAATGTACAGGCTGGGGATTGCCCTCCTATAGAACTTAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6313_L1_Tile|1
CCCCATGCAATATGTCTAATGTACAGGCTGGGGATTGCCCTCCTATAGAACTTAAATCTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6523_L1_Tile|1
GTGACCTTATGTTTTCTGTTTACGTAGGGAACAGATGTTTATAAGGCACTTTTATAACA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6548_L1_Tile|1
TAGGGAACAGATGTTTATAAGGCACTTTTATAACAGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6558_L1_Tile|1
ATGTTTATAAGGCACTTTTATAACAGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6563_L1_Tile|1
TATAAGGCACTTTTATAACAGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6568_L1_Tile|1
GGCACTTTTATAACAGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6573_L1_Tile|1
TTTTATAACAGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6578_L1_Tile|1
TAACAGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6583_L1_Tile|1
GAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6593_L1_Tile|1
TATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCTACCTCTCGTGG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6603_L1_Tile|1

GCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCTACCTCTCGTGGCACTCCTACA
>HPV90_Alpha_22138122_nt7058_L1_Tile|1
CCTACAGTCCCAGGCTATTTCCCTGTCAAAAACCTTCTGCTGTCCCTACAGAGAACAAGGA
>HPV90_Alpha_22138122_nt7148_L1_Tile|1
GGATTTGTCTGAACGTTTTTCCCTTGAGCTAGACCAATTCCTCTTGGCAGGAAATTTTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt7173_L1_Tile|1
GAGCTAGACCAATTCCTCTTGGCAGGAAATTTTTGCTGCAGCGTGGCACCCGGGTACGG
>HPV90_Alpha_22138122_nt7178_L1_Tile|1
AGACCAATTCCTCTTGGCAGGAAATTTTTGCTGCAGCGTGGCACCCGGGTACGGTCGTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7251_L1_Tile|1
AAGCGTCCCGCACCTCTACCGCCCCCTCTACAAAACGTAAACGGTCCAAACGTTCTCTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5596_L1_Tile|1
ATGTACCTCATACCAACACCAATGTGTCTACACTGCCTAACACAACAAAAATTGTTAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5601_L1_Tile|1
CCTCATACCAACACCAATGTGTCTACACTGCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5606_L1_Tile|1
TACCAACACCAATGTGTCTACACTGCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAGTCCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5611_L1_Tile|1
ACACCAATGTGTCTACACTGCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAGTCCCCTTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5616_L1_Tile|1
AATGTGTCTACACTGCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAGTCCCCTTGCAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5621_L1_Tile|1
GTCTACACTGCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAGTCCCCTTGCAACAGTACC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5626_L1_Tile|1
CACTGCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAGTCCCCTTGCAACAGTACCTGATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5631_L1_Tile|1
CCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAGTCCCCTTGCAACAGTACCTGATATATAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5646_L1_Tile|1
ATTGTTAACTACTACAGTCCCCTTGCAACAGTACCTGATATATATACACAAGCAGGACCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5651_L1_Tile|1
TAACACTACAGTCCCCTTGCAACAGTACCTGATATATATACACAAGCAGGACCTGATAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5656_L1_Tile|1
CTACAGTCCCCTTGCAACAGTACCTGATATATATACACAAGCAGGACCTGATATTACAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5666_L1_Tile|1
ACTTGCAACAGTACCTGATATATATACACAAGCAGGACCTGATATTACATTTCTTACAGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5676_L1_Tile|1
GTACCTGATATATATACACAAGCAGGACCTGATATTACATTTCTTACAGTGCCACTTAGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5681_L1_Tile|1
TGATATATATACACAAGCAGGACCTGATATTACATTTCTTACAGTGCCACTTAGTGTCCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5691_L1_Tile|1
ACACAAGCAGGACCTGATATTACATTTCTTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCCTATGTGCCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5696_L1_Tile|1
AGCAGGACCTGATATTACATTTCTTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCCTATGTGCCATTGTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5706_L1_Tile|1
GATATTACATTTCTTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5711_L1_Tile|1
TACATTTCTTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTTACACC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5716_L1_Tile|1
TTCTTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTTACACCTTCTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5726_L1_Tile|1
GCCACTTAGTGTCCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTTACACCTTCTGCAGTATCAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5731_L1_Tile|1
TTAGTGTCCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTTACACCTTCTGCAGTATCAATATATG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5736_L1_Tile|1
GTCCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTTACACCTTCTGCAGTATCAATATATGGCACA

>HPV91_Alpha_22023568_nt5751_L1_Tile|1
TTGTCACCGTCTGTACACCTTCTGCAGTATCAATATATGGCACAGATTTTTATTACAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5761_L1_Tile|1
CTGTTACACCTTCTGCAGTATCAATATATGGCACAGATTTTTATTACATCCTTCATTGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5971_L1_Tile|1
TACCATGCTGGCAGTTCCCGTTTACTGGCTGTGGGCCACCCTTTTTTTCCTATAAAAAAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5976_L1_Tile|1
TGCTGGCAGTTCCCGTTTACTGGCTGTGGGCCACCCTTTTTTTCCTATAAAAAATAATTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5981_L1_Tile|1
GCAGTTCCCGTTTACTGGCTGTGGGCCACCCTTTTTTTCCTATAAAAAATAATTCTGGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5986_L1_Tile|1
TCCCGTTTACTGGCTGTGGGCCACCCTTTTTTTCCTATAAAAAATAATTCTGGTAAAGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5991_L1_Tile|1
TTTACTGGCTGTGGGCCACCCTTTTTTTCCTATAAAAAATAATTCTGGTAAAGTAATTGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6006_L1_Tile|1
CCACCCTTTTTTCCTATAAAAAATAATTCTGGTAAAGTAATTGTTCCCTAAAGTTTCAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6011_L1_Tile|1
CTTTTTTTCCTATAAAAAATAATTCTGGTAAAGTAATTGTTCCCTAAAGTTTCAGGTCACC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6561_L1_Tile|1
AGATTATTTAGGAATGGCAGCCGAGCCATACGGAAATAGTTTATTTTTCTTTTACGTAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6651_L1_Tile|1
TAGGGCTGGTACTACAGGCGATGCTGTCCCTAAGGATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6666_L1_Tile|1
AGGCGATGCTGTCCCTAAGGATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACATAGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6671_L1_Tile|1
ATGCTGTCCCTAAGGATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACATAGCAGGCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6676_L1_Tile|1
GTCCCTAAGGATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACATAGCAGGCAGTATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6681_L1_Tile|1
TAAGGATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACATAGCAGGCAGTATATATTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6686_L1_Tile|1
ATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACATAGCAGGCAGTATATATTATTCTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6691_L1_Tile|1
TATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACATAGCAGGCAGTATATATTATTCTACTCCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6791_L1_Tile|1
AACCCTTTGGATGCAAAAAGCACAGGGGCATAATAACGGCATCTGTTTTGGTAACCAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6826_L1_Tile|1
AACGGCATCTGTTTTGGTAACCAGGTGTTTGTAACTGTTGTGGATACAACCTCGCAGCACT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6851_L1_Tile|1
TGTTTGTAACTGTTGTGGATACAACCTCGCAGCACTAACTTAACCTTGTGTGCATCCACTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6861_L1_Tile|1
TGTTGTGGATACAACCTCGCAGCACTAACTTAACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6866_L1_Tile|1
TGGATACAACCTCGCAGCACTAACTTAACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6871_L1_Tile|1
ACAACCTCGCAGCACTAACTTAACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6881_L1_Tile|1
GCACTAACTTAACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6886_L1_Tile|1
AACTTAACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACACAAAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6891_L1_Tile|1
AACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACACAAAGTTCAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6896_L1_Tile|1
TGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACACAAAGTTCAAAGAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6901_L1_Tile|1

GCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACACAAAGTTCAAAGAATATTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6906_L1_Tile|1
CACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACACAAAGTTCAAAGAATATTTAAGGCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6911_L1_Tile|1
AGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACACAAAGTTCAAAGAATATTTAAGGCATGCAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6986_L1_Tile|1
AGTTTATATTTCAATTATGCATTATAACACTTAATCCAGAGGTAATGACATACATCCACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7001_L1_Tile|1
TATGCATTATAACACTTAATCCAGAGGTAATGACATACATCCACACTATGGATGCATCAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7006_L1_Tile|1
ATTATAACACTTAATCCAGAGGTAATGACATACATCCACACTATGGATGCATCATTATTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7011_L1_Tile|1
AACACTTAATCCAGAGGTAATGACATACATCCACACTATGGATGCATCATTATTAGAAGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7026_L1_Tile|1
GGTAATGACATACATCCACACTATGGATGCATCATTATTAGAAGACTGGAACTTTGGGGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7051_L1_Tile|1
GATGCATCATTATTAGAAGACTGGAACTTTGGGGTATCCCCTCCAGCCACGGCATCACTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7076_L1_Tile|1
ACTTTGGGGTATCCCCTCCAGCCACGGCATCACTAGAGGATACTTATCGCTTTTTGGCTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7081_L1_Tile|1
GGGGTATCCCCTCCAGCCACGGCATCACTAGAGGATACTTATCGCTTTTTGGCTAATAAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7086_L1_Tile|1
ATCCCCTCCAGCCACGGCATCACTAGAGGATACTTATCGCTTTTTGGCTAATAAGGCAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7131_L1_Tile|1
GGCTAATAAGGCAATTGCCTGTCAAAAAAATGTCCCACCAAAGCCAAAGAGGACCCATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7136_L1_Tile|1
ATAAGGCAATTGCCTGTCAAAAAAATGTCCCACCAAAGCCAAAGAGGACCCATACAAAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7141_L1_Tile|1
GCAATTGCCTGTCAAAAAAATGTCCCACCAAAGCCAAAGAGGACCCATACAAAAACTAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7146_L1_Tile|1
TGCCTGTCAAAAAAATGTCCCACCAAAGCCAAAGAGGACCCATACAAAAACTATACTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7166_L1_Tile|1
CACCAAAGCCAAAGAGGACCCATACAAAAACTATACTTTTTGGGATGTGGATCTTACCG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7171_L1_Tile|1
AAAGCCAAAGAGGACCCATACAAAAACTATACTTTTTGGGATGTGGATCTTACCGAAAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7316_L1_Tile|1
GGAAGCGTGCAGCACCATCTCCAGTTCAGCGCCTGCCTCCAAACGAAAGAAAACCTAAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt5719_L1_Tile|1
ATTTGTTCAAAGGACCAACATCTTTTATCATGCAAATAGTGATCGCCTGCTGACAGTTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt5729_L1_Tile|1
AGGACCAACATCTTTTATCATGCAAATAGTGATCGCCTGCTGACAGTTGGACACCCTTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt5754_L1_Tile|1
ATAGTGATCGCCTGCTGACAGTTGGACACCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATC
>HPV92_Beta_27531786_nt5759_L1_Tile|1
GATCGCCTGCTGACAGTTGGACACCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATCCACAT
>HPV92_Beta_27531786_nt5764_L1_Tile|1
CCTGCTGACAGTTGGACACCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATCCACATGATGT
>HPV92_Beta_27531786_nt5769_L1_Tile|1
TGACAGTTGGACACCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATCCACATGATGTATTAG
>HPV92_Beta_27531786_nt5774_L1_Tile|1
GTTGGACACCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATCCACATGATGTATTAGTGCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt5779_L1_Tile|1
ACACCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATCCACATGATGTATTAGTGCCTAAGGT
>HPV92_Beta_27531786_nt5799_L1_Tile|1
GAAGCTCAGTTGATCCACATGATGTATTAGTGCCTAAGGTGTCAGGGAATCAGTTTAGAG

>HPV92_Beta_27531786_nt6034_L1_Tile|1
AAATCCAAATAAGTACAATACTGGAACAAAGGATGACAGAGTAAACACATCTTTTGATCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6039_L1_Tile|1
CAAATAAGTACAATACTGGAACAAAGGATGACAGAGTAAACACATCTTTTGATCCAAAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt6044_L1_Tile|1
AAGTACAATACTGGAACAAAGGATGACAGAGTAAACACATCTTTTGATCCAAAGCAAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt6049_L1_Tile|1
CAATACTGGAACAAAGGATGACAGAGTAAACACATCTTTTGATCCAAAGCAAATTCAGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6059_L1_Tile|1
ACAAAGGATGACAGAGTAAACACATCTTTTGATCCAAAGCAAATTCAGTTATTTGTTTTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6064_L1_Tile|1
GGATGACAGAGTAAACACATCTTTTGATCCAAAGCAAATTCAGTTATTTGTTTTAGGATG
>HPV92_Beta_27531786_nt6069_L1_Tile|1
ACAGAGTAAACACATCTTTTGATCCAAAGCAAATTCAGTTATTTGTTTTAGGATGTACAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6084_L1_Tile|1
CTTTTGATCCAAAGCAAATTCAGTTATTTGTTTTAGGATGTACACCATGCTTAGGTGAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6119_L1_Tile|1
GGATGTACACCATGCTTAGGTGAACATTGGGACACAGCCTTACCATGTGCTGAAAAGCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6139_L1_Tile|1
TGAACATTGGGACACAGCCTTACCATGTGCTGAAAAGCAACCAGATACTGGGGGATGCCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6154_L1_Tile|1
AGCCTTACCATGTGCTGAAAAGCAACCAGATACTGGGGGATGCCCACCATTAGAGTTAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6159_L1_Tile|1
TACCATGTGCTGAAAAGCAACCAGATACTGGGGGATGCCCACCATTAGAGTTAAAAAACA
>HPV92_Beta_27531786_nt6164_L1_Tile|1
TGTGCTGAAAAGCAACCAGATACTGGGGGATGCCCACCATTAGAGTTAAAAAACACTGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6169_L1_Tile|1
TGAAAAGCAACCAGATACTGGGGGATGCCCACCATTAGAGTTAAAAAACACTGTTATCTC
>HPV92_Beta_27531786_nt6174_L1_Tile|1
AGCAACCAGATACTGGGGGATGCCCACCATTAGAGTTAAAAAACACTGTTATCTCTGATG
>HPV92_Beta_27531786_nt6179_L1_Tile|1
CCAGATACTGGGGGATGCCCACCATTAGAGTTAAAAAACACTGTTATCTCTGATGGAGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6224_L1_Tile|1
ATCTCTGATGGAGATATGGTTGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6229_L1_Tile|1
TGATGGAGATATGGTTGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6234_L1_Tile|1
GAGATATGGTTGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6239_L1_Tile|1
ATGGTTGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6244_L1_Tile|1
TGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTAAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6249_L1_Tile|1
TAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTAAGTTTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6254_L1_Tile|1
TTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTAAGTTTGGATATA
>HPV92_Beta_27531786_nt6259_L1_Tile|1
TAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTAAGTTTGGATATAGTAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt6264_L1_Tile|1
TGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTAAGTTTGGATATAGTAGACTCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6394_L1_Tile|1
ACGAGAACAATGTTATGTTAGGCATATGTTTGTGCGCGGTGGTGTGTGGGTGATACCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6399_L1_Tile|1
AACAAATGTTATGTTAGGCATATGTTTGTGCGCGGTGGTGTGTGGGTGATACCATCCCAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6439_L1_Tile|1

TGTGGGTGATACCATCCCAGATGCAGTTGTAAATGAAGACCATAA CTTTATGTTACCTGC
>HPV92_Beta_27531786_nt6454_L1_Tile|1
CCCAGATGCAGTTGTAAATGAAGACCATAA CTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6459_L1_Tile|1
ATGCAGTTGTAAATGAAGACCATAA CTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6469_L1_Tile|1
AAATGAAGACCATAA CTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTAGAAGTCAAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6474_L1_Tile|1
AAGACCATAA CTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTAGAAGTCAAATTGCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6479_L1_Tile|1
CATAA CTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTAGAAGTCAAATTGCCAGTTCT
>HPV92_Beta_27531786_nt6489_L1_Tile|1
TGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTAGAAGTCAAATTGCCAGTTCTATCTATTTCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6499_L1_Tile|1
AGCATCCAGTGACCAGTCTAGAAGTCAAATTGCCAGTTCTATCTATTTCCCTACTGTTAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6644_L1_Tile|1
TGGAGTAATGAAC TGTTC TGACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTA A CTTTAATATT
>HPV92_Beta_27531786_nt6649_L1_Tile|1
TAATGAAC TGTTC TGACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTA A CTTTAATATTAGTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6654_L1_Tile|1
AACTGTTTC TGACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6659_L1_Tile|1
TTTCTGACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6664_L1_Tile|1
GACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6669_L1_Tile|1
TTTGTGATAATACCAGGAATACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6674_L1_Tile|1
GATAATACCAGGAATACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACC
>HPV92_Beta_27531786_nt6679_L1_Tile|1
TACCAGGAATACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6684_L1_Tile|1
GGAATACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATT
>HPV92_Beta_27531786_nt6689_L1_Tile|1
ACTA A CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATTACAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6694_L1_Tile|1
CTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATTACAAAAGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6699_L1_Tile|1
ATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATTACAAAAGATTAGAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6704_L1_Tile|1
AGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATTACAAAAGATTAGAGAATAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6709_L1_Tile|1
CCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATTACAAAAGATTAGAGAATACACTAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6719_L1_Tile|1
GGTGGTCAAATAACCGACTATGATTACAAAAGATTAGAGAATACACTAGACATGTTGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6724_L1_Tile|1
TCAAATAACCGACTATGATTACAAAAGATTAGAGAATACACTAGACATGTTGAAGAATA
>HPV92_Beta_27531786_nt6739_L1_Tile|1
TGATTACAAAAGATTAGAGAATACACTAGACATGTTGAAGAATATGAAATATCACTAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6894_L1_Tile|1
TTCCTACTCCAGATAAC CTTATTCAGGATGCATACAGATTTATTCATTCTAAAGCAACAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6899_L1_Tile|1
ACTCCAGATAAC CTTATTCAGGATGCATACAGATTTATTCATTCTAAAGCAACACCTTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6904_L1_Tile|1
AGATAAC CTTATTCAGGATGCATACAGATTTATTCATTCTAAAGCAACACCTTGTCCAGA

>HPV92_Beta_27531786_nt7059_L1_Tile|1
ATTCATTGGGTAGAAAATTTTATTTCAAGCTGGATTAACATAACATCTGTTAATGGTC
>HPV92_Beta_27531786_nt7064_L1_Tile|1
TTGGGTAGAAAATTTTATTTCAAGCTGGATTAACATAACATCTGTTAATGGTCTTAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7069_L1_Tile|1
TAGAAAATTTTATTTCAAGCTGGATTAACATAACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt7074_L1_Tile|1
AATTTTTATTTCAAGCTGGATTAACATAACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7084_L1_Tile|1
TCAAGCTGGATTAACATAACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt7089_L1_Tile|1
CTGGATTAACATAACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAG
>HPV92_Beta_27531786_nt7094_L1_Tile|1
TTAATAACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACT
>HPV92_Beta_27531786_nt7099_L1_Tile|1
TAATAACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACG
>HPV92_Beta_27531786_nt7104_L1_Tile|1
CATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7109_L1_Tile|1
GTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAAAAGAAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7114_L1_Tile|1
TGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAAAAGAAAAAGTAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7118_L1_Tile|1
CTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAAAAGAAAAAGTAACTAA
>HPV93_Beta_37089393_nt5771_L1_Tile|1
TAACAGTAGGTCACCCATATTACAATGTTTACAATAATAATGGAACAGTATTGGAAGTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt5776_L1_Tile|1
GTAGGTCACCCATATTACAATGTTTACAATAATAATGGAACAGTATTGGAAGTACCAAAG
>HPV93_Beta_37089393_nt6016_L1_Tile|1
AAGGTAAATGATACAGAAAATCCTTTAAATTACAGAACTCAGGCATTTTCTACTGATGAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6146_L1_Tile|1
AACACTGGGATGTTGCACCTAAATGTGATGGAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCAC
>HPV93_Beta_37089393_nt6151_L1_Tile|1
TGGGATGTTGCACCTAAATGTGATGGAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6161_L1_Tile|1
CACCTAAATGTGATGGAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATACAATTAGTAA
>HPV93_Beta_37089393_nt6166_L1_Tile|1
AAATGTGATGGAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATACAATTAGTAAACACT
>HPV93_Beta_37089393_nt6176_L1_Tile|1
GAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATACAATTAGTAAACACTGTTATTCAAG
>HPV93_Beta_37089393_nt6206_L1_Tile|1
CTATACAATTAGTAAACACTGTTATTCAAGATGGGGATATGGCAGATATCGGGTATGGTA
>HPV93_Beta_37089393_nt6211_L1_Tile|1
CAATTAGTAAACACTGTTATTCAAGATGGGGATATGGCAGATATCGGGTATGGTAATCTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6236_L1_Tile|1
ATGGGGATATGGCAGATATCGGGTATGGTAATCTTAATTTTAAGGCTTTGCAGGAAAATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6251_L1_Tile|1
ATATCGGGTATGGTAATCTTAATTTTAAGGCTTTGCAGGAAAATAGATCTGATGTTAGTC
>HPV93_Beta_37089393_nt6256_L1_Tile|1
GGGTATGGTAATCTTAATTTTAAGGCTTTGCAGGAAAATAGATCTGATGTTAGTCTTGAC
>HPV93_Beta_37089393_nt6421_L1_Tile|1
CACTTTTTTGTAAAGAGGTGGCAACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCA
>HPV93_Beta_37089393_nt6426_L1_Tile|1
TTTTGTAAAGAGGTGGCAACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCAGGCAC
>HPV93_Beta_37089393_nt6431_L1_Tile|1

TAAGAGGTGGCAACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCAGGCACATATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6436_L1_Tile|1
GGTGGCAACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCAGGCACATATAAAAAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6441_L1_Tile|1
CAACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCAGGCACATATAAAAAATGATTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6446_L1_Tile|1
TAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCAGGCACATATAAAAAATGATTTTTTACA
>HPV93_Beta_37089393_nt6681_L1_Tile|1
TG TAGACAACACAAGAAACACAAACTTCAGTATTAGTGTTTATACAGACCCTGGGAAAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6686_L1_Tile|1
ACAACACAAGAAACACAAACTTCAGTATTAGTGTTTATACAGACCCTGGGAAAATAAGGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6691_L1_Tile|1
ACAAGAAACACAAACTTCAGTATTAGTGTTTATACAGACCCTGGGAAAATAAGGGATATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6696_L1_Tile|1
AAACACAAACTTCAGTATTAGTGTTTATACAGACCCTGGGAAAATAAGGGATATAAATGA
>HPV93_Beta_37089393_nt6891_L1_Tile|1
AGAGGAATGGCAATTAGGGTTTGTCCCAACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCG
>HPV93_Beta_37089393_nt6896_L1_Tile|1
AATGGCAATTAGGGTTTGTCCCAACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6901_L1_Tile|1
CAATTAGGGTTTGTCCCAACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6906_L1_Tile|1
AGGGTTTGTCCCAACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6911_L1_Tile|1
TTGTCCCAACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTT TAGCTA
>HPV93_Beta_37089393_nt6916_L1_Tile|1
CCA ACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTT TAGCTACACCA
>HPV93_Beta_37089393_nt6921_L1_Tile|1
TCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTT TAGCTACACCATGTCC
>HPV93_Beta_37089393_nt6926_L1_Tile|1
ACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTT TAGCTACACCATGTCCCGATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6931_L1_Tile|1
CCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATAGTTT TAGCTACACCATGTCCCGATAAGGTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6941_L1_Tile|1
GTACTTATCGATATATTAATAGTTT TAGCTACACCATGTCCCGATAAGGTTCCACCAAAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6951_L1_Tile|1
ATATATTAATAGTTT TAGCTACACCATGTCCCGATAAGGTTCCACCAAAGGAAAAGGAAGA
>HPV93_Beta_37089393_nt7066_L1_Tile|1
GATCTAGATCAATACTCCTTAGGGCGCAAATTTCTGTATCAGGCAAATCTTG TACAATCA
>HPV93_Beta_37089393_nt7076_L1_Tile|1
AATACTCCTTAGGGCGCAAATTTCTGTATCAGGCAAATCTTG TACAATCACCAGCTAAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt7086_L1_Tile|1
AGGGCGCAAATTTCTGTATCAGGCAAATCTTG TACAATCACCAGCTAAACGGTCATCATC
>HPV93_Beta_37089393_nt7091_L1_Tile|1
GCAAATTTCTGTATCAGGCAAATCTTG TACAATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTT
>HPV93_Beta_37089393_nt7096_L1_Tile|1
TTTCTGTATCAGGCAAATCTTG TACAATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGA
>HPV93_Beta_37089393_nt7101_L1_Tile|1
GTATCAGGCAAATCTTG TACAATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGAGGAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt7111_L1_Tile|1
AATCTTG TACAATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGAGGA ACTAAAAGAAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt7121_L1_Tile|1
AATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGAGGA ACTAAAAGAAAAAGCAAAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt7123_L1_Tile|1
TCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGAGGA ACTAAAAGAAAAAGCAAAATAA

>HPV94_Alpha_40804528_nt6540_L1_Tile|1
TTGCAAGACATTTTTTCAATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCCCTGACACTCTAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt6545_L1_Tile|1
AGACATTTTTTCAATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCCCTGACACTCTAATATTG
>HPV94_Alpha_40804528_nt6550_L1_Tile|1
TTTTTTCATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCCCTGACACTCTAATATTGAAGTC
>HPV94_Alpha_40804528_nt6555_L1_Tile|1
TCAATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCCCTGACACTCTAATATTGAAGTCGGCCG
>HPV94_Alpha_40804528_nt6575_L1_Tile|1
GGAGACACCATTCCCTGACACTCTAATATTGAAGTCGGCCGGTGGTGACCAAAACGTTGGT
>HPV94_Alpha_40804528_nt7035_L1_Tile|1
TCTTGTCGTCCCTCCGCAATAACTTGTGCAAGGAGGCACCCCCACTGAAAAGCAAGATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5534_L1_Tile|1
GTAGGTGAACCTAAGAAAGTTTTAGTTCCAAAGGTATCTGGAAGTCAATATAGAGTCTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5539_L1_Tile|1
TGAACCTAAGAAAGTTTTAGTTCCAAAGGTATCTGGAAGTCAATATAGAGTCTTTAGGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5544_L1_Tile|1
CTAAGAAAGTTTTAGTTCCAAAGGTATCTGGAAGTCAATATAGAGTCTTTAGGTTTCAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5579_L1_Tile|1
CAATATAGAGTCTTTAGGTTTCAATTGCCAGATCCTAACAGATTTGCTTTGATAGATAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5624_L1_Tile|1
GCTTTGATAGATAATGGCTTTTATGACTCTGACCATGAAAGGTTAGTATGGCGTCTAAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5629_L1_Tile|1
GATAGATAATGGCTTTTATGACTCTGACCATGAAAGGTTAGTATGGCGTCTAAGAGGAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5634_L1_Tile|1
ATAATGGCTTTTATGACTCTGACCATGAAAGGTTAGTATGGCGTCTAAGAGGAATTGAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5654_L1_Tile|1
GACCATGAAAGGTTAGTATGGCGTCTAAGAGGAATTGAAATAGGCCGAGGTGGACCTTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5804_L1_Tile|1
CAGGATGTCTCATTAGACCCTAAACAGACCCAAATGTTTCATAATTGGTTGTATTCCAGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5839_L1_Tile|1
GTTTCATAATTGGTTGTATTCCAGCTATTGGGGAGCACTGGGATAAAGCTGAGGCATGCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5844_L1_Tile|1
TAATTGGTTGTATTCCAGCTATTGGGGAGCACTGGGATAAAGCTGAGGCATGCAGAGAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5894_L1_Tile|1
TGCAGAGAACCAGCACCTCAGAAGGGTGATTGCCACCTATAGAACTTGTAACACATAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6014_L1_Tile|1
GATGATAAATCCAGTGCACCATTAGATGTAGTTGGTACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6019_L1_Tile|1
TAAATCCAGTGCACCATTAGATGTAGTTGGTACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6034_L1_Tile|1
ATTAGATGTAGTTGGTACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6039_L1_Tile|1
ATGTAGTTGGTACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6044_L1_Tile|1
GTTGGTACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTGAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6049_L1_Tile|1
TACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6054_L1_Tile|1
TGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6064_L1_Tile|1
GCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6069_L1_Tile|1
ACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6074_L1_Tile|1

TTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6079_L1_Tile|1
GATGAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6084_L1_Tile|1
GTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTATGCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6094_L1_Tile|1
TTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTATGCAAGACACTTTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6099_L1_Tile|1
GTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTATGCAAGACACTTTTTTGTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6104_L1_Tile|1
AGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTATGCAAGACACTTTTTTGTTAGAGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6109_L1_Tile|1
ATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTATGCAAGACACTTTTTTGTTAGAGCTGGGAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6149_L1_Tile|1
TTTTTTGTTAGAGCTGGGACAATGGGTGATGCGTTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6154_L1_Tile|1
TGTTAGAGCTGGGACAATGGGTGATGCGTTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6159_L1_Tile|1
GAGCTGGGACAATGGGTGATGCGTTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6164_L1_Tile|1
GGGACAATGGGTGATGCGTTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAATTGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6179_L1_Tile|1
GCGTTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6189_L1_Tile|1
AGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6194_L1_Tile|1
TTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6199_L1_Tile|1
AGTGAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6209_L1_Tile|1
GATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6214_L1_Tile|1
CATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6219_L1_Tile|1
TTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6224_L1_Tile|1
GCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6229_L1_Tile|1
GAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6234_L1_Tile|1
ACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6239_L1_Tile|1
GAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTTGTATCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6244_L1_Tile|1
AAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTTGTATCAAGTGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6249_L1_Tile|1
ATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTTGTATCAAGTGAATCTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6259_L1_Tile|1
TCACATTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTTGTATCAAGTGAATCTCAGCTTTTTTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6264_L1_Tile|1
TTTATTTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTTGTATCAAGTGAATCTCAGCTTTTTTAACCGAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6269_L1_Tile|1
TTTGGAACTCCTAGCGGTTCTCTTGTATCAAGTGAATCTCAGCTTTTTTAACCGACCGTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6274_L1_Tile|1
AACTCCTAGCGGTTCTCTTGTATCAAGTGAATCTCAGCTTTTTTAACCGACCGTATTGGTT

>HPV95_Gamma_40804520_nt6364_L1_Tile|1
TTGTTGGGATAATCAGCTTTTTGTAACTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAACTTTAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6369_L1_Tile|1
GGGATAATCAGCTTTTTGTAACTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAACTTTACTATTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6374_L1_Tile|1
AATCAGCTTTTTGTAACTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAACTTTACTATTTCTGTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6384_L1_Tile|1
TTGTAACCTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAACTTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6389_L1_Tile|1
ACTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAACTTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6394_L1_Tile|1
GGTTGATAATACCCATAACACTAACTTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6399_L1_Tile|1
ATAATACCCATAACACTAACTTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6404_L1_Tile|1
ACCCATAACACTAACTTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6409_L1_Tile|1
TAACACTAACTTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6414_L1_Tile|1
CTAACTTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAAAGCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6419_L1_Tile|1
TTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAAAGCAAATGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6424_L1_Tile|1
TATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAAAGCAAATGATTTTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6429_L1_Tile|1
CTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAAAGCAAATGATTTTAAACAGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6434_L1_Tile|1
AAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAAAGCAAATGATTTTAAACAGTATTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6539_L1_Tile|1
AGAGTGCCCTCTTACAGCAGATGTAATGGCTCATTTGAATGTCATGAACCCAAATATATTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6544_L1_Tile|1
GCCTCTTACAGCAGATGTAATGGCTCATTTGAATGTCATGAACCCAAATATATTAGATAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6624_L1_Tile|1
CCCCACCACCTTCTGGTATTGAGGATCAATACAGATTTCATTACATCCAGAGCTACTCGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6644_L1_Tile|1
GAGGATCAATACAGATTTCATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAAATCCACCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6649_L1_Tile|1
TCAATACAGATTTCATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAAATCCACCAGCAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6654_L1_Tile|1
ACAGATTTCATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAAATCCACCAGCAGAAAGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6659_L1_Tile|1
TTCATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAAATCCACCAGCAGAAAGAGAAGAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6679_L1_Tile|1
TCGTTGTCCAACCTCAAAATCCACCAGCAGAAAGAGAAGACCCTTTTAAAGATTTGTCCTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6694_L1_Tile|1
AAATCCACCAGCAGAAAGAGAAGACCCTTTTAAAGATTTGTCCTTTTGGACAGTTGATCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6699_L1_Tile|1
CACCAGCAGAAAGAGAAGACCCTTTTAAAGATTTGTCCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6704_L1_Tile|1
GCAGAAAGAGAAGACCCTTTTAAAGATTTGTCCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6709_L1_Tile|1
AAGAGAAGACCCTTTTAAAGATTTGTCCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGTTTTTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6714_L1_Tile|1
AAGACCCTTTTAAAGATTTGTCCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGTTTTCTTCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6724_L1_Tile|1

TAAAGATTTGTCCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGTTTTTCTTCAGAATTAAGCCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6734_L1_Tile|1
TCCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGTTTTTCTTCAGAATTAAGCCAATTTTCATTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6739_L1_Tile|1
TTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGTTTTTCTTCAGAATTAAGCCAATTTTCATTAGGAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6749_L1_Tile|1
GATCTTTCTGAGCGTTTTTCTTCAGAATTAAGCCAATTTTCATTAGGAAGGCGGTTTCTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6784_L1_Tile|1
ATTTTCATTAGGAAGGCGGTTTCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6789_L1_Tile|1
CATTAGGAAGGCGGTTTCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6794_L1_Tile|1
GGAAGGCGGTTTCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6799_L1_Tile|1
GCGGTTTCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6804_L1_Tile|1
TTCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6809_L1_Tile|1
TATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6819_L1_Tile|1
GATTAATAAATGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAACGCAACAGGCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6829_L1_Tile|1
TGGATCTCGTAAAAGACAAAGAGCTATTACTTCTCAAACGCAACAGGCACAAAACGTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt5987_L1_Tile|1
TGTTAAACAGTAGGACATCCTTATTTTGATGTGAGGAAAAATAATGGAGATCATGAAGTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt5992_L1_Tile|1
ACAGTAGGACATCCTTATTTTGATGTGAGGAAAAATAATGGAGATCATGAAGTGTAGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt5997_L1_Tile|1
AGGACATCCTTATTTTGATGTGAGGAAAAATAATGGAGATCATGAAGTGTAGTTCCCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6002_L1_Tile|2
ATCCTTATTTTGATGTGAGGAAAAATAATGGAGATCATGAAGTGTAGTTCCCAAGGTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6222_L1_Tile|2
ACATCCATTATTTAACAAGGTGAAAGACACGGAAAATCCAAATGGCTATAATACAGGTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt6252_L1_Tile|1
GGAAAATCCAAATGGCTATAATACAGGTGGAAGGATGATAGGGTGAATACATCCTTTGA
>HPV96_Beta_50253426_nt6257_L1_Tile|1
ATCCAAATGGCTATAATACAGGTGGAAGGATGATAGGGTGAATACATCCTTTGATCCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6367_L1_Tile|1
TGGGACAAGGCTTACCTTGTGTAGAAAATCCTCCTGATCAGGGAGCGTGTCCACCTCTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6377_L1_Tile|1
CCTTACCTTGTGTAGAAAATCCTCCTGATCAGGGAGCGTGTCCACCTCTAGAATTAAAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6382_L1_Tile|2
CCTTGTGTAGAAAATCCTCCTGATCAGGGAGCGTGTCCACCTCTAGAATTAAAAAATACT
>HPV96_Beta_50253426_nt6387_L1_Tile|1
TGTAGAAAATCCTCCTGATCAGGGAGCGTGTCCACCTCTAGAATTAAAAAATACTATTAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6487_L1_Tile|1
AATTTTAAACATTATCAGTCACTAAGTCTGATGTTAGTCTGGATATTGTTAATGAAATT
>HPV96_Beta_50253426_nt6632_L1_Tile|1
CCAGACATATGTTTTGTAGAGGTGGGTGAGTGGAGACAGTATTCCAGATGATGCAGTTG
>HPV96_Beta_50253426_nt6637_L1_Tile|1
CATATGTTTTGTAGAGGTGGGTGAGTGGAGACAGTATTCCAGATGATGCAGTTGGAGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6647_L1_Tile|1
GTAGAGGTGGGTGAGTGGAGACAGTATTCCAGATGATGCAGTTGGAGAAGACAACCATT
>HPV96_Beta_50253426_nt6662_L1_Tile|2
TAGGAGACAGTATTCCAGATGATGCAGTTGGAGAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTG

>HPV96_Beta_50253426_nt6667_L1_Tile|1
GACAGTATTCCAGATGATGCAGTTGGAGAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6672_L1_Tile|1
TATTCCAGATGATGCAGTTGGAGAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6682_L1_Tile|2
GATGCAGTTGGAGAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6687_L1_Tile|1
AGTTGGAGAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6692_L1_Tile|1
GAGAAGACAACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6697_L1_Tile|1
GACAACCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCC
>HPV96_Beta_50253426_nt6702_L1_Tile|2
CCATTATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCCATTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6707_L1_Tile|1
ATTATTTAAAGGCTGCCAGTGATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCCATTTACACTC
>HPV96_Beta_50253426_nt6727_L1_Tile|1
GATCAAAACAGAGATACAATGGCAAGTTCCATTTACACTCCCACAGTCAGTGGATCTTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6732_L1_Tile|1
AAACAGAGATACAATGGCAAGTTCCATTTACACTCCCACAGTCAGTGGATCTTTAGTTTC
>HPV96_Beta_50253426_nt6737_L1_Tile|1
GAGATACAATGGCAAGTTCCATTTACACTCCCACAGTCAGTGGATCTTTAGTTTCTACAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6742_L1_Tile|2
ACAATGGCAAGTTCCATTTACACTCCCACAGTCAGTGGATCTTTAGTTTCTACAGATGCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6747_L1_Tile|1
GGCAAGTTCCATTTACACTCCCACAGTCAGTGGATCTTTAGTTTCTACAGATGCACAGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6757_L1_Tile|1
ATTTACACTCCCACAGTCAGTGGATCTTTAGTTTCTACAGATGCACAGATTTTCAATAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt6777_L1_Tile|1
TGGATCTTTAGTTTCTACAGATGCACAGATTTTCAATAGGCCTTTTTGGCTGCAAAGGGC
>HPV96_Beta_50253426_nt6782_L1_Tile|2
CTTTAGTTTCTACAGATGCACAGATTTTCAATAGGCCTTTTTGGCTGCAAAGGGCTCAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6862_L1_Tile|2
TGGGGTAATCAAATCTTTCTCACAGTAATAGATAATACCAGGAATACTAATTTCTGTATC
>HPV96_Beta_50253426_nt6867_L1_Tile|1
TAATCAAATCTTTCTCACAGTAATAGATAATACCAGGAATACTAATTTCTGTATCAGTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6877_L1_Tile|1
TTTCTCACAGTAATAGATAATACCAGGAATACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6882_L1_Tile|2
CACAGTAATAGATAATACCAGGAATACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6887_L1_Tile|1
TAATAGATAATACCAGGAATACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6892_L1_Tile|1
GATAATACCAGGAATACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6897_L1_Tile|1
TACCAGGAATACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATA
>HPV96_Beta_50253426_nt6902_L1_Tile|2
GGAATACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATA
>HPV96_Beta_50253426_nt6907_L1_Tile|1
ACTAATTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATACTGCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6912_L1_Tile|1
TTTCTGTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATACTGCAAACCTT
>HPV96_Beta_50253426_nt6917_L1_Tile|1
GTATCAGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATACTGCAAACCTTTAGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6922_L1_Tile|2

AGTGTCTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATACTGCAAACCTTAGAGAATAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6927_L1_Tile|1
CTCCTCAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATACTGCAAACCTTAGAGAATATTTGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6932_L1_Tile|1
CAAATGATCAGGCATTACAGGAATACAATACTGCAAACCTTAGAGAATATTTGAGACATG
>HPV96_Beta_50253426_nt6987_L1_Tile|1
ACATGTAGAAGAGTATGAATTATCCTTTATATTACAATTATGTAAAGTTCCATTAGAGCC
>HPV96_Beta_50253426_nt6992_L1_Tile|1
TAGAAGAGTATGAATTATCCTTTATATTACAATTATGTAAAGTTCCATTAGAGCCAGAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6997_L1_Tile|1
GAGTATGAATTATCCTTTATATTACAATTATGTAAAGTTCCATTAGAGCCAGAAGTATTA
>HPV96_Beta_50253426_nt7122_L1_Tile|2
TGACAATCCCATCAATGATACATATAGATACATACATTTCAGCAGCCACACGGTGTCCAGA
>HPV96_Beta_50253426_nt7127_L1_Tile|1
ATCCCATCAATGATACATATAGATACATACATTTCAGCAGCCACACGGTGTCCAGATAAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt7132_L1_Tile|1
ATCAATGATACATATAGATACATACATTTCAGCAGCCACACGGTGTCCAGATAAACTACA
>HPV96_Beta_50253426_nt7182_L1_Tile|2
TAAAACTACACCTAAAGAAAAAGCAGATCCCTTTGCAGGTTATCACTTTTGGGATGTTGA
>HPV96_Beta_50253426_nt7187_L1_Tile|1
CTACACCTAAAGAAAAAGCAGATCCCTTTGCAGGTTATCACTTTTGGGATGTTGATTTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt7197_L1_Tile|1
AGAAAAAGCAGATCCCTTTGCAGGTTATCACTTTTGGGATGTTGATTTGTCTGAAAAGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt7272_L1_Tile|1
TCAGTATTCTCTGGGACGTAAATTCTTATTTCAAGCCAACCTGCAAAACAAAAGAGTTAA
>HPV96_Beta_50253426_nt7292_L1_Tile|1
AATTCTTATTTCAAGCCAACCTGCAAAACAAAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCG
>HPV96_Beta_50253426_nt7297_L1_Tile|1
TTATTTCAAGCCAACCTGCAAAACAAAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt7302_L1_Tile|2
TCAAGCCAACCTGCAAAACAAAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTAC
>HPV96_Beta_50253426_nt7317_L1_Tile|1
AAACAAAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTAC
>HPV96_Beta_50253426_nt7322_L1_Tile|2
AAAGAGTTAACAGAGGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTACAAAAC
>HPV96_Beta_50253426_nt7336_L1_Tile|1
GGGGTTACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTACAAAACGAAAACGACGCTGA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5612_L1_Tile|1
TCTAGATTATTAGCTGTAGGCAATCCTTATTTTAAAGTTTCTAAAGGTGCAGGTAGTAGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt5617_L1_Tile|1
ATTATTAGCTGTAGGCAATCCTTATTTTAAAGTTTCTAAAGGTGCAGGTAGTAGGCAAGA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5622_L1_Tile|2
TAGCTGTAGGCAATCCTTATTTTAAAGTTTCTAAAGGTGCAGGTAGTAGGCAAGATGTTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5642_L1_Tile|2
TTTAAAGTTTCTAAAGGTGCAGGTAGTAGGCAAGATGTTCCCAAAGTATCTGCCTACCAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5647_L1_Tile|1
AGTTTCTAAAGGTGCAGGTAGTAGGCAAGATGTTCCCAAAGTATCTGCCTACCAATATAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt5657_L1_Tile|1
GGTGCAGGTAGTAGGCAAGATGTTCCCAAAGTATCTGCCTACCAATATAGAGTGTTTAGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt5662_L1_Tile|2
AGGTAGTAGGCAAGATGTTCCCAAAGTATCTGCCTACCAATATAGAGTGTTTAGGGTAAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5667_L1_Tile|1
GTAGGCAAGATGTTCCCAAAGTATCTGCCTACCAATATAGAGTGTTTAGGGTAACCTTGC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5857_L1_Tile|1
TTTATATAACAAATTAGATGACACTGAAAGTTCACATGCTGCTACAGCTGTTGTTACACA

>HPV97_Alpha_71726694_nt5982_L1_Tile|2
CTGCTATTGGTGAACATTGGGCTAAAGGTACACCATGTAAATCTACTCACATACAGCAAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6017_L1_Tile|1
TGTAATCTACTCACATACAGCAAGGTGACTGTCCTCCTTTAGAGCTTAAAAATACAGTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6287_L1_Tile|1
GGAACAATGGGTGACACTATTCCACAGGAGTTATATATTAAAGGAACTGGTATGCGTGAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6302_L1_Tile|2
ACTATTCCACAGGAGTTATATATTAAAGGAACTGGTATGCGTGAAACTCCTGGCAGTTTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6517_L1_Tile|1
TTTAACACTGTGTGCTTCTACACAAAATGGCGTAGCTACCACATATGACCCTACAAAATA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6522_L1_Tile|2
CACTGTGTGCTTCTACACAAAATGGCGTAGCTACCACATATGACCCTACAAAATATAAAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt6712_L1_Tile|1
TGTCCACCGCCACCCACTACCAGTTTAGTAGATACATATCGCTTTGTACAGTCTGTTGC
>HPV97_Alpha_71726694_nt6717_L1_Tile|1
CACCGCCACCCACTACCAGTTTAGTAGATACATATCGCTTTGTACAGTCTGTTGCTATAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6952_L1_Tile|1
TTCTGCCCCGTCTGCCCTACTACTTCCAAACCTGCTAAGCGTTTACGTGTCCGTCGTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5666_L1_Tile|1
TCAACTCCAGTAGCTAAGGTGTTAAGCACTGATGAATATGTAGAAAGAACTAACATATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6136_L1_Tile|1
TGAGCCATGTGAAAATGCAGGAGATCAACAGGAAAATGTCCACCTATAGAACTGAAAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6141_L1_Tile|1
CATGTGAAAATGCAGGAGATCAACAGGAAAATGTCCACCTATAGAACTGAAAAATTCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6166_L1_Tile|1
GGGAAAATGTCCACCTATAGAACTGAAAAATTCTGTGATTCAAGATGGCGATATGATGGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6186_L1_Tile|1
AACTGAAAAATTCTGTGATTCAAGATGGCGATATGATGGACATTGGATTGGAAATATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6236_L1_Tile|1
GGAAATATAAATTTTAAACTCTATCCCTGAATAGATCAGATGTTAGCTTAGATTTAGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6241_L1_Tile|1
TATAAATTTTAAACTCTATCCCTGAATAGATCAGATGTTAGCTTAGATTTAGTAGACGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6246_L1_Tile|1
ATTTTAAACTCTATCCCTGAATAGATCAGATGTTAGCTTAGATTTAGTAGACGAAATTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6251_L1_Tile|1
AAACTCTATCCCTGAATAGATCAGATGTTAGCTTAGATTTAGTAGACGAAATTGCTAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6391_L1_Tile|1
AAGACATTATTTTACCAGAGGAGGTAATGTTGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6396_L1_Tile|1
ATTATTTTACCAGAGGAGGTAATGTTGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6401_L1_Tile|1
TTTACCAGAGGAGGTAATGTTGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6406_L1_Tile|1
CAGAGGAGGTAATGTTGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCATAAATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6416_L1_Tile|1
AATGTTGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTACCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6421_L1_Tile|1
TGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTACCTCCTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6426_L1_Tile|1
ACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTACCTCCTAAGTCAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6436_L1_Tile|1
AGATGGAGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6441_L1_Tile|1
GAGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6446_L1_Tile|1

AATAATCAAGATCATAAATTTTATTTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6451_L1_Tile|1
TCAAGATCATAAATTTTATTTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6456_L1_Tile|1
ATCATAAATTTTATTTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6461_L1_Tile|1
AAATTTTATTTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6466_L1_Tile|1
TTATTTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTTCTCTAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6471_L1_Tile|1
TACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTTCTCTACTGTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6476_L1_Tile|1
CCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTTCTCTACTGTTAGTGGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6481_L1_Tile|1
GTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTTCTCTACTGTTAGTGGTCTCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6491_L1_Tile|1
AGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTTCTCTACTGTTAGTGGTCTCTAGTCTCTTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6641_L1_Tile|1
GTTGCTGATAACACTAGAAACACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6646_L1_Tile|1
TGATAACACTAGAAACACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6656_L1_Tile|1
AGAAACACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6661_L1_Tile|1
CACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6666_L1_Tile|1
ACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGCAAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6676_L1_Tile|1
TTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6681_L1_Tile|1
TACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATTTTTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6691_L1_Tile|1
TAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATTTTTAAGGCACGTGGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6701_L1_Tile|1
ATAACTGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATTTTTAAGGCACGTGGAAGAGTATCAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6706_L1_Tile|1
TGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATTTTTAAGGCACGTGGAAGAGTATCAAATATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6711_L1_Tile|1
ATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATTTTTAAGGCACGTGGAAGAGTATCAAATATCTGTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6766_L1_Tile|1
TGTAATATTACAACCTGTGTAAAGTATCACTGCAACCTGATGTGCTAGCCCAGATCAATGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6771_L1_Tile|1
TATTACAACCTGTGTAAAGTATCACTGCAACCTGATGTGCTAGCCCAGATCAATGCAATGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6786_L1_Tile|1
AAGTATCACTGCAACCTGATGTGCTAGCCCAGATCAATGCAATGAATTCAGGTATATTAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6861_L1_Tile|1
GATTTGTACCAACTCCTGACAATGCAGTACATGACACCTATAGATTTATAAATTCCTCAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6871_L1_Tile|1
AACTCCTGACAATGCAGTACATGACACCTATAGATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6891_L1_Tile|1
ATGACACCTATAGATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTCTCTGCAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6896_L1_Tile|1
ACCTATAGATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTCTCTGCAAAAGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6901_L1_Tile|1
TAGATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTCTCTGCAAAAGATAGAGA

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6906_L1_Tile|1
TTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTCTTGCAAAAGATAGAGAGGATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6911_L1_Tile|1
AATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTCTTGCAAAAGATAGAGAGGATCCATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6926_L1_Tile|1
AAATGTCCAGATAAGGTTCTTGCAAAAGATAGAGAGGATCCATTTGCTCAATATTTCTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7021_L1_Tile|1
TTTAGATCAATATCCTTTAGGAAGAAAGTTTTTGTTCGAAGCAGGATTACAGAACACCAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7026_L1_Tile|1
ATCAATATCCTTTAGGAAGAAAGTTTTTGTTCGAAGCAGGATTACAGAACACCAGGGTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7031_L1_Tile|1
TATCCTTTAGGAAGAAAGTTTTTGTTCGAAGCAGGATTACAGAACACCAGGGTCAAATCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7036_L1_Tile|1
TTTAGGAAGAAAGTTTTTGTTCGAAGCAGGATTACAGAACACCAGGGTCAAATCATTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7041_L1_Tile|1
GAAGAAAGTTTTTGTTCGAAGCAGGATTACAGAACACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7046_L1_Tile|1
AAGTTTTTGTTCGAAGCAGGATTACAGAACACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTAGCAGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7051_L1_Tile|1
TTTGTTCGAAGCAGGATTACAGAACACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7071_L1_Tile|1
AGAACACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGGTACTGCAAAAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7081_L1_Tile|1
GGTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGGTACTGCAAAACGACGACGGAC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6412_L1_Tile|1
GTGTGGGAGAGCATTGGGAAAAGGCCTTACCTTGTGGAGATGCGCCTGCAGATAATGGTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6427_L1_Tile|1
GGGAAAAGGCCTTACCTTGTGGAGATGCGCCTGCAGATAATGGTATTTGCCCTCCAATTG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6447_L1_Tile|1
GGAGATGCGCCTGCAGATAATGGTATTTGCCCTCCAATTGAATTAACAAAAACACTTTTATT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6532_L1_Tile|1
GTTTTGGCAATATGAATTTCAAACTTTACAGCAGAATAGGGCTGATGTCAGTCTGGATA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6537_L1_Tile|1
GGCAATATGAATTTCAAACTTTACAGCAGAATAGGGCTGATGTCAGTCTGGATATAGTT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6542_L1_Tile|2
TATGAATTTCAAACTTTACAGCAGAATAGGGCTGATGTCAGTCTGGATATAGTTAATGA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6547_L1_Tile|1
ATTTCAAACTTTACAGCAGAATAGGGCTGATGTCAGTCTGGATATAGTTAATGAACTT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6987_L1_Tile|1
ATATCTATATCTAGTGAAAATCAAGATATACAGCAAATACAATCATATGACTCACAAAAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6997_L1_Tile|1
CTAGTGAAAATCAAGATATACAGCAAATACAATCATATGACTCACAAAAGTTTAGGGAAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7002_L1_Tile|2
GAAAATCAAGATATACAGCAAATACAATCATATGACTCACAAAAGTTTAGGGAATATTTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7007_L1_Tile|1
TCAAGATATACAGCAAATACAATCATATGACTCACAAAAGTTTAGGGAATATTTAAGGCA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7012_L1_Tile|1
ATATACAGCAAATACAATCATATGACTCACAAAAGTTTAGGGAATATTTAAGGCACGTAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7107_L1_Tile|1
AAGATCCCACTACAAGCAGAAGTTTTAGCACAAATAAATGCAATGAACCCCTCCTTACTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7182_L1_Tile|2
GGATTTGTGCCAACTCCCGATAATCCTATCCAGGACACATACAGATTTATTGATTCCTTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7197_L1_Tile|1
CCCGATAATCCTATCCAGGACACATACAGATTTATTGATTCCTTAGCTACCAGGTGTCCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7202_L1_Tile|2

TAATCCTATCCAGGACACATACAGATTTATTGATTCCTTAGCTACCAGGTGTCCCGATAA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7207_L1_Tile|1
CTATCCAGGACACATACAGATTTATTGATTCCTTAGCTACCAGGTGTCCCGATAAAAATC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7212_L1_Tile|1
CAGGACACATACAGATTTATTGATTCCTTAGCTACCAGGTGTCCCGATAAAAATCCACCA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7217_L1_Tile|1
CACATACAGATTTATTGATTCCTTAGCTACCAGGTGTCCCGATAAAAATCCACCAAAGGA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7397_L1_Tile|1
AACGACCGTTAACGGTACAAAGCCTTCAACGTATAGAAGTTCTGTACGGGGGATCAAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5414_L1_Tile_rc|1
AGGAAGATAGAACTTATTCTGCGCTGGTAACCAGACAGCCATCTGAAAAACATTATACAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5419_L1_Tile_rc|1
TGGGGAGGAAGATAGAACTTATTCTGCGCTGGTAACCAGACAGCCATCTGAAAAACATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5434_L1_Tile_rc|1
ATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGAACTTATTCTGCGCTGGTAACCAGACAGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt5439_L1_Tile_rc|1
ACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGAACTTATTCTGCGCTGGTAACCAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5449_L1_Tile_rc|1
TCATCAGTGGACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGAACTTATTCTGCGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5454_L1_Tile_rc|1
CATATTCATCAGTGGACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGAACTTATTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5459_L1_Tile_rc|1
GGTTACATATTCATCAGTGGACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGAACTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5474_L1_Tile_rc|1
GAAGAGATTGGTTCTGGTTACATATTCATCAGTGGACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5479_L1_Tile_rc|1
TGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTACATATTCATCAGTGGACAGGATTCTAGTGATGGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt5484_L1_Tile_rc|1
TTGCATGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTACATATTCATCAGTGGACAGGATTCTAGTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5489_L1_Tile_rc|1
AGATGTTGCATGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTACATATTCATCAGTGGACAGGATTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5499_L1_Tile_rc|1
GTAGACGTTTCAGATGTTGCATGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTACATATTCATCAGTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5504_L1_Tile_rc|1
CAGCAGTAGACGTTTCAGATGTTGCATGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTACATATTCATC
>HPV1_Mu_9626063_nt5509_L1_Tile_rc|1
CCGACCAGCAGTAGACGTTTCAGATGTTGCATGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTACATAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5514_L1_Tile_rc|1
GATGTCCGACCAGCAGTAGACGTTTCAGATGTTGCATGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5529_L1_Tile_rc|1
AGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCAGTAGACGTTTCAGATGTTGCATGGTAGAAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5534_L1_Tile_rc|1
ACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCAGTAGACGTTTCAGATGTTGCATGGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5539_L1_Tile_rc|1
TGATTACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCAGTAGACGTTTCAGATGTTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5544_L1_Tile_rc|1
CAGTTTGATTACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCAGTAGACGTTTCAGATG
>HPV1_Mu_9626063_nt5549_L1_Tile_rc|1
AGTTACAGTTTGATTACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCAGTAGACGTTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt5554_L1_Tile_rc|1
GGTATAGTTACAGTTTGATTACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCAGTAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5559_L1_Tile_rc|1
CTTTTGGTATAGTTACAGTTTGATTACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5564_L1_Tile_rc|1
TGACACTTTTGGTATAGTTACAGTTTGATTACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGAC

>HPV1_Mu_9626063_nt5579_L1_Tile_rc|1
TCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTACAGTTTGATTACTGGAGATCTCAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5584_L1_Tile_rc|1
AAAACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTACAGTTTGATTACTGGAGATC
>HPV1_Mu_9626063_nt5594_L1_Tile_rc|1
ACGCACCCTAAAACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTACAGTTTGATT
>HPV1_Mu_9626063_nt5599_L1_Tile_rc|1
GCAAAACGCACCCTAAAACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTACAGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5604_L1_Tile_rc|1
GATCAGCAAAAACGCACCCTAAAACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5609_L1_Tile_rc|1
ATTTGGATCAGCAAAACGCACCCTAAAACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5614_L1_Tile_rc|1
AATCTATTTGGATCAGCAAAACGCACCCTAAAACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5644_L1_Tile_rc|1
GGATTAAAAATTGCCTTATCCCCAAATGCAATCTATTTGGATCAGCAAAACGCACCCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5729_L1_Tile_rc|1
AGGGTGGCCCGTTATTCCCTATACCTAAAGGCTGGCCTCTACCTATCTCTATCCCTCTTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5734_L1_Tile_rc|1
AAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCCTATACCTAAAGGCTGGCCTCTACCTATCTCTATCCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5739_L1_Tile_rc|1
TATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCCTATACCTAAAGGCTGGCCTCTACCTATCTCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5744_L1_Tile_rc|1
TAACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCCTATACCTAAAGGCTGGCCTCTACCTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5754_L1_Tile_rc|1
CTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCCTATACCTAAAGGCTGGC
>HPV1_Mu_9626063_nt5759_L1_Tile_rc|1
ATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCCTATACCTAAAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5764_L1_Tile_rc|1
GTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCCTATACCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5769_L1_Tile_rc|1
AATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5774_L1_Tile_rc|1
AATATAATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5784_L1_Tile_rc|1
CATGAGTATTAATATAATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5789_L1_Tile_rc|1
ATTTGCATGAGTATTAATATAATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5794_L1_Tile_rc|1
TCTCCATTTGCATGAGTATTAATATAATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5799_L1_Tile_rc|1
TAGAATCTCCATTTGCATGAGTATTAATATAATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACT
>HPV1_Mu_9626063_nt5809_L1_Tile_rc|1
GTATTTTGTCTAGAATCTCCATTTGCATGAGTATTAATATAATTTGTTGGATTTTCTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5819_L1_Tile_rc|1
ATCAAAAGCAGTATTTTGTCTAGAATCTCCATTTGCATGAGTATTAATATAATTTGTTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5844_L1_Tile_rc|1
CGAGGAACATTTGTGTCTGTTTTGCATCAAAAGCAGTATTTTGTCTAGAATCTCCATTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt5849_L1_Tile_rc|1
GCCGACGAGGAACATTTGTGTCTGTTTTGCATCAAAAGCAGTATTTTGTCTAGAATCTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt5864_L1_Tile_rc|1
TGAAGCAGGAGTACAGCCGACGAGGAACATTTGTGTCTGTTTTGCATCAAAAGCAGTATT
>HPV1_Mu_9626063_nt5874_L1_Tile_rc|1
AGTGTTCACCTGAAGCAGGAGTACAGCCGACGAGGAACATTTGTGTCTGTTTTGCATCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5884_L1_Tile_rc|1

CTACTTGTCCAGTGTTCACCTGAAGCAGGAGTACAGCCGACGAGGAACATTTGTGTCTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5889_L1_Tile_rc|1
AACGACTACTTGTCCAGTGTTCACCTGAAGCAGGAGTACAGCCGACGAGGAACATTTGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt5894_L1_Tile_rc|1
TGGGCAACGACTACTTGTCCAGTGTTCACCTGAAGCAGGAGTACAGCCGACGAGGAACAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5904_L1_Tile_rc|1
CTTGTTCCCCCTGGGCAACGACTACTTGTCCAGTGTTCACCTGAAGCAGGAGTACAGCCGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5909_L1_Tile_rc|1
TTTCACTTGTTCCTTGGGCAACGACTACTTGTCCAGTGTTCACCTGAAGCAGGAGTACA
>HPV1_Mu_9626063_nt5914_L1_Tile_rc|1
CCAAGTTTCACTTGTTCCTTGGGCAACGACTACTTGTCCAGTGTTCACCTGAAGCAGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5929_L1_Tile_rc|1
ACCCTGGGGCAGTCCCCAAGTTTCACTTGTTCCTTGGGCAACGACTACTTGTCCAGTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5954_L1_Tile_rc|1
TTCTATGACAGACTCTATCATTTGCACCTTGGGGCAGTCCCCAAGTTTCACTTGTTCCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5964_L1_Tile_rc|1
TGTCACCATCTTCTATGACAGACTCTATCATTTGCACCTTGGGGCAGTCCCCAAGTTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5974_L1_Tile_rc|1
ATATCCATCATGTACCATCTTCTATGACAGACTCTATCATTTGCACCTTGGGGCAGTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6044_L1_Tile_rc|1
TTGAACAACATCTAAAGGGACATCAGACTTGTCTTGCTGTAAAGCAGCAAAATCCATAGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6049_L1_Tile_rc|1
GTTGCTTGAACAACATCTAAAGGGACATCAGACTTGTCTTGCTGTAAAGCAGCAAAATCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6079_L1_Tile_rc|1
TTCATTCTGATATAATCAGGATATTTGCATGTTGCTTGAACAACATCTAAAGGGACATCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6084_L1_Tile_rc|1
CATGGTTCATTCTGATATAATCAGGATATTTGCATGTTGCTTGAACAACATCTAAAGGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6089_L1_Tile_rc|1
GGCTTCATGGTTCATTCTGATATAATCAGGATATTTGCATGTTGCTTGAACAACATCTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6099_L1_Tile_rc|1
AGTTGCCATAGGCTTCATGGTTCATTCTGATATAATCAGGATATTTGCATGTTGCTTGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6104_L1_Tile_rc|1
CATAGAGTTGCCATAGGCTTCATGGTTCATTCTGATATAATCAGGATATTTGCATGTTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6114_L1_Tile_rc|1
CAAAAAAAAAACATAGAGTTGCCATAGGCTTCATGGTTCATTCTGATATAATCAGGATATT
>HPV1_Mu_9626063_nt6119_L1_Tile_rc|1
ACGTGCAAAAAAAAAACATAGAGTTGCCATAGGCTTCATGGTTCATTCTGATATAATCAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6129_L1_Tile_rc|1
TTTGCTCGCGACGTGCAAAAAAAAAACATAGAGTTGCCATAGGCTTCATGGTTCATTCTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6134_L1_Tile_rc|1
ATACATTTGCTCGCGACGTGCAAAAAAAAAACATAGAGTTGCCATAGGCTTCATGGTTCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6139_L1_Tile_rc|1
CTGGTATACATTTGCTCGCGACGTGCAAAAAAAAAACATAGAGTTGCCATAGGCTTCATGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6184_L1_Tile_rc|1
ACTGCCTCCTTATCACCCACCGAACCCCCGCGAGTAAAAAAGTGCCTGGTATACATTTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6194_L1_Tile_rc|1
GCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACCCACCGAACCCCCGCGAGTAAAAAAGTGCCTGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6199_L1_Tile_rc|1
TACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACCCACCGAACCCCCGCGAGTAAAAAAGTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6209_L1_Tile_rc|1
TGCTGTTAAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACCCACCGAACCCCCGCGAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6224_L1_Tile_rc|1
TCTTGGTTCAGCATCTGCTGTTAAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACCCAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6229_L1_Tile_rc|1
GTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTTAAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCA

>HPV1_Mu_9626063_nt6239_L1_Tile_rc|1
TGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTAAATACAGGCTTGTGGGACTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6244_L1_Tile_rc|1
TTTGTGTGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTAAATACAGGCTTGTGGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6249_L1_Tile_rc|1
CATAATTTGTTGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTAAATACAGGCTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6254_L1_Tile_rc|1
GCCTACATAATTTGTTGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTAAATACAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6264_L1_Tile_rc|1
CACTTGGTGTGCCTACATAATTTGTTGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6269_L1_Tile_rc|1
AGAGCCACTTGGTGTGCCTACATAATTTGTTGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATC
>HPV1_Mu_9626063_nt6279_L1_Tile_rc|1
ATGAAACCATAGAGCCACTTGGTGTGCCTACATAATTTGTTGTTGCTAAAGTTGTTCTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6359_L1_Tile_rc|1
CTGGTTTCTCCAGCAAATGCCATTATTCTGGCCTTGACATCGCTGAAGCCAGTAAGATCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6369_L1_Tile_rc|1
TAATAAAATACTGGTTTCTCCAGCAAATGCCATTATTCTGGCCTTGACATCGCTGAAGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6379_L1_Tile_rc|1
TCTCCAACCTGTAATAAAATACTGGTTTCTCCAGCAAATGCCATTATTCTGGCCTTGACAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6384_L1_Tile_rc|1
TATTATCTCCAACCTGTAATAAAATACTGGTTTCTCCAGCAAATGCCATTATTCTGGCCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6394_L1_Tile_rc|1
GTTCTCTGGTATTATCTCCAACCTGTAATAAAATACTGGTTTCTCCAGCAAATGCCATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6409_L1_Tile_rc|1
CTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCCAACCTGTAATAAAATACTGGTTTCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6414_L1_Tile_rc|1
TCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCCAACCTGTAATAAAATACTGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6419_L1_Tile_rc|1
GTTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCCAACCTGTAATAAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6424_L1_Tile_rc|1
GCATTGTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCCAACCTGTAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6429_L1_Tile_rc|1
TACTTGCACTGTTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCCAACCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6434_L1_Tile_rc|1
TGTAGTACTTGCATTGTTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6439_L1_Tile_rc|1
GAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6444_L1_Tile_rc|1
CATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6449_L1_Tile_rc|1
ATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6454_L1_Tile_rc|1
TTAAAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTTCATACTGATAGATAAACTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6459_L1_Tile_rc|1
AATCATTAATAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTTCATACTGATAGATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6464_L1_Tile_rc|1
TAGAAAATCATTAATAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTTCATACTGAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6469_L1_Tile_rc|1
TGTCTTAGAAAATCATTAATAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTCATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6474_L1_Tile_rc|1
CAGTATGTCTTAGAAAATCATTAATAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6479_L1_Tile_rc|1
TTCTTCAGTATGTCTTAGAAAATCATTAATAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATT
>HPV1_Mu_9626063_nt6484_L1_Tile_rc|1

TCAAATTCTTCAGTATGTCTTAGAAAAATCATTAAAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6489_L1_Tile_rc|1
AAAGATCAAATTCTTCAGTATGTCTTAGAAAAATCATTAAAATTAGCATTGGAATATGTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6494_L1_Tile_rc|1
AAAAGAAAGATCAAATTCTTCAGTATGTCTTAGAAAAATCATTAAAATTAGCATTGGAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6499_L1_Tile_rc|1
ACTATAAAAAGAAAGATCAAATTCTTCAGTATGTCTTAGAAAAATCATTAAAATTAGCATTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6504_L1_Tile_rc|1
GCTGAACTATAAAAAGAAAGATCAAATTCTTCAGTATGTCTTAGAAAAATCATTAAAATTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6509_L1_Tile_rc|1
ACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGATCAAATTCTTCAGTATGTCTTAGAAAAATCATTAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6519_L1_Tile_rc|1
ACTTTACTTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGATCAAATTCTTCAGTATGTCTTAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6524_L1_Tile_rc|1
AGTTAACTTTACTTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGATCAAATTCTTCAGTATGTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6529_L1_Tile_rc|1
TCGGGAGTTAACTTTACTTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGATCAAATTCTTCAGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6539_L1_Tile_rc|1
GGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGATCAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6544_L1_Tile_rc|1
ATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6549_L1_Tile_rc|1
TATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6554_L1_Tile_rc|1
CATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTTACAAAGCTGAACTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6559_L1_Tile_rc|1
GGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTTACAAAGCTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6564_L1_Tile_rc|1
TATTAGGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTTACAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6569_L1_Tile_rc|1
TAAAATATTAGGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6574_L1_Tile_rc|1
TCCTCTAAAATATTAGGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6579_L1_Tile_rc|1
GCCAATCCTCTAAAATATTAGGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6594_L1_Tile_rc|1
GAGATACAGATAGTTGCCAATCCTCTAAAATATTAGGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6629_L1_Tile_rc|1
CCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGTAGGTGGTTGAGATACAGATAGTTGCCAATCCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6639_L1_Tile_rc|1
ACCCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGTAGGTGGTTGAGATACAGATAGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6644_L1_Tile_rc|1
GGAAGACCCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGTAGGTGGTTGAGATACAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6649_L1_Tile_rc|1
GCCAAGGAAGACCCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGTAGGTGGTTGAGAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6654_L1_Tile_rc|1
TTGCTGCCAAGGAAGACCCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGTAGGTGGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6659_L1_Tile_rc|1
ACATTTTGCTGCCAAGGAAGACCCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGTAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6664_L1_Tile_rc|1
TCTGGACATTTTGCTGCCAAGGAAGACCCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6669_L1_Tile_rc|1
CCTGTTCTGGACATTTTGCTGCCAAGGAAGACCCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6694_L1_Tile_rc|1
GGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCGCTGTTCTGGACATTTTGCTGCCAAGGAAGACCCT

>HPV1_Mu_9626063_nt6709_L1_Tile_rc|1
TTATATTGACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCGCCTGTTCTGGACATTTTGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6719_L1_Tile_rc|1
TTCCCAGAATTTATATTGACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCGCCTGTTCTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6729_L1_Tile_rc|1
TGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATTGACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCG
>HPV1_Mu_9626063_nt6734_L1_Tile_rc|1
TTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATTGACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6744_L1_Tile_rc|1
CGGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATTGACTATAAGGATCAGTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6749_L1_Tile_rc|1
TTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATTGACTATAAGGATC
>HPV1_Mu_9626063_nt6754_L1_Tile_rc|1
TCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATTGACTATAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6759_L1_Tile_rc|1
ATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATTGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6764_L1_Tile_rc|1
TGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6769_L1_Tile_rc|1
CCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6774_L1_Tile_rc|1
TCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6779_L1_Tile_rc|1
AAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATCGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6784_L1_Tile_rc|1
TATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6789_L1_Tile_rc|1
TTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6794_L1_Tile_rc|1
GCCACTTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt6799_L1_Tile_rc|1
GTCATGCCACTTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTTTCGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6804_L1_Tile_rc|1
GTTGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAATTGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6809_L1_Tile_rc|1
AGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGGTCTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6814_L1_Tile_rc|1
GTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAAATTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6819_L1_Tile_rc|1
AACTAGTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAGTGGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6824_L1_Tile_rc|1
GGTGGAACTAGTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATTTTCCTTCCTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6834_L1_Tile_rc|1
TGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATT
>HPV1_Mu_9626063_nt6839_L1_Tile_rc|1
TGTTTTGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGATATAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6844_L1_Tile_rc|1
CGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6849_L1_Tile_rc|1
ATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6854_L1_Tile_rc|1
CGTAGATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTACGTTGTGTCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6859_L1_Tile_rc|1
GCTGACGTAGATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTACGTTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6864_L1_Tile_rc|1

GCTTGGCTGACGTAGATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6879_L1_Tile_rc|1
AAGCCTTACGCCTGCGCTTGGCTGACGTAGATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6881_L1_Tile_rc|1
CTAAGCCTTACGCCTGCGCTTGGCTGACGTAGATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGT
>HPV2_Alpha_9626032_nt5908_L1_Tile_rc|1
CACCTTATTATTACTCTTCTTTATAGAGTAATATGGATGACCCACAGTGAGAAGCCTAGA
>HPV2_Alpha_9626032_nt5913_L1_Tile_rc|1
ACAGCCACCTTATTATTACTCTTCTTTATAGAGTAATATGGATGACCCACAGTGAGAAGC
>HPV2_Alpha_9626032_nt6793_L1_Tile_rc|1
AAAATTGGTAGCCTTATAATTAGTATCAGACGCCTCAGTGGCACACAGAGATACATTAGT
>HPV2_Alpha_9626032_nt7193_L1_Tile_rc|1
TACTAGTGGGCGGCGTGGTCCCCGAAACAGCGGCGCGCTTGCGAGACACGGTAGGCATAG
>HPV2_Alpha_9626032_nt7198_L1_Tile_rc|1
TCGTTTACTAGTGGGCGGCGTGGTCCCCGAAACAGCGGCGCGCTTGCGAGACACGGTAGG
>HPV3_Alpha_397005_nt5878_L1_Tile_rc|1
AATATCCATCTTGGAATTAGAAGATTTGGGGATAGCAAAATAAGGATGACCCACGGTCAG
>HPV3_Alpha_397005_nt5883_L1_Tile_rc|1
TTAGGAATATCCATCTTGGAATTAGAAGATTTGGGGATAGCAAAATAAGGATGACCCACG
>HPV3_Alpha_397005_nt5903_L1_Tile_rc|1
TATATTGAAAGGCGGACACCTTAGGAATATCCATCTTGGAATTAGAAGATTTGGGGATAG
>HPV3_Alpha_397005_nt5908_L1_Tile_rc|1
CACTCTATATTGAAAGGCGGACACCTTAGGAATATCCATCTTGGAATTAGAAGATTTGGG
>HPV3_Alpha_397005_nt6273_L1_Tile_rc|1
ATAGGTGCAGTAATAAGCTCTAGAGGAGGACAATCACCCGGTGACGCATTCTGCTTACAT
>HPV3_Alpha_397005_nt6278_L1_Tile_rc|1
CTTGTATAGGTGCAGTAATAAGCTCTAGAGGAGGACAATCACCCGGTGACGCATTCTGCT
>HPV3_Alpha_397005_nt6518_L1_Tile_rc|1
TGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATACCAGCTCTGTTAAGAAAATGTCTTG
>HPV3_Alpha_397005_nt6523_L1_Tile_rc|1
TTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATACCAGCTCTGTTAAGAAAATG
>HPV3_Alpha_397005_nt6528_L1_Tile_rc|1
TCACCTTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATACCAGCTCTGTTAAGA
>HPV3_Alpha_397005_nt6533_L1_Tile_rc|1
GACTGTACCTTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATACCAGCTCTGT
>HPV3_Alpha_397005_nt6538_L1_Tile_rc|1
GCTCTGACTGTCACCTTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATACCAGC
>HPV3_Alpha_397005_nt6543_L1_Tile_rc|1
CCGCCGCTCTGACTGTCACCTTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATA
>HPV3_Alpha_397005_nt6553_L1_Tile_rc|1
TTTATCCCGACCGCGCTCTGACTGTCACCTTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCT
>HPV3_Alpha_397005_nt6563_L1_Tile_rc|1
CACTACCAATTTTATCCCGACCGCGCTCTGACTGTCACCTTTAATGTACAACGCGTCAG
>HPV3_Alpha_397005_nt6783_L1_Tile_rc|1
TACTCTTTAAATTTAGTAGCATCATATGTAGCCGAGGTTTCAGTAGAAACACACAATGTC
>HPV3_Alpha_397005_nt6788_L1_Tile_rc|1
TTAAATACTCTTTAAATTTAGTAGCATCATATGTAGCCGAGGTTTCAGTAGAAACACACA
>HPV3_Alpha_397005_nt6793_L1_Tile_rc|1
GTGTCTTAAATACTCTTTAAATTTAGTAGCATCATATGTAGCCGAGGTTTCAGTAGAAAC
>HPV3_Alpha_397005_nt7003_L1_Tile_rc|1
CTCAGTGGGAGGTGCATCTTTCTGGCAGGTAATGGCAGAGGAAGTTAAAAATCTATAGGT
>HPV3_Alpha_397005_nt7028_L1_Tile_rc|1
TTAGTTTGGCGTAGGGGTCTTGCTTCTCAGTGGGAGGTGCATCTTTCTGGCAGGTAATGG
>HPV3_Alpha_397005_nt7103_L1_Tile_rc|1
TGAGAAATTTCTTGCCAAGGGGGAAGTGCAGAAAGATCCAGGGAAAAACGATCCTTAAGAT

>HPV3_Alpha_397005_nt7118_L1_Tile_rc|1
CTACACCGAGCTGCATGAGAAATTTCTGCGCAAGGGGGAAGTGCAGAAAGATCCAGGGAAA
>HPV3_Alpha_397005_nt7123_L1_Tile_rc|1
GGTACCTACACCGAGCTGCATGAGAAATTTCTGCGCAAGGGGGAAGTGCAGAAAGATCCAG
>HPV3_Alpha_397005_nt7138_L1_Tile_rc|1
AGATATACTAGAGCGGGTACCTACACCGAGCTGCATGAGAAATTTCTGCGCAAGGGGGA
>HPV3_Alpha_397005_nt7153_L1_Tile_rc|1
CGAGCGTTTACGAACAGATATACTAGAGCGGGTACCTACACCGAGCTGCATGAGAAATTT
>HPV3_Alpha_397005_nt7173_L1_Tile_rc|1
GTTCTAGATGTGGTTGTGCGCGAGCGTTTACGAACAGATATACTAGAGCGGGTACCTACA
>HPV3_Alpha_397005_nt7178_L1_Tile_rc|1
CAGCTGTTCTAGATGTGGTTGTGCGCGAGCGTTTACGAACAGATATACTAGAGCGGGTAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5516_L1_Tile_rc|1
AATCTAAACACTCTAAATTGACTTCCTGAAACCTTAGGAACTAATACTTTGTGAGGTTCC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5541_L1_Tile_rc|1
AAATCTGTTGGGTCTGGCAAATTGAATCTAAACACTCTAAATTGACTTCCTGAAACCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5556_L1_Tile_rc|1
ATTATCAATTAAAGCAAATCTGTTTGGGTCTGGCAAATTGAATCTAAACACTCTAAATTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5621_L1_Tile_rc|1
CCTCTTCCTATTTCTATTCCCCTCAGTTTCCATACTAGGCGTTCATGATCAGAATCATAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5631_L1_Tile_rc|1
AAGCGGTCCCTCCTCTTCTATTCTATTCCCCTCAGTTTCCATACTAGGCGTTCATGATC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5636_L1_Tile_rc|1
ATACCAAGCGGTCCCTCCTCTTCTATTCTATTCCCCTCAGTTTCCATACTAGGCGTTCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5646_L1_Tile_rc|1
TGTAGTACCTATACCAAGCGGTCCCTCCTCTTCTATTCTATTCCCCTCAGTTTCCATAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5671_L1_Tile_rc|1
CAAACCTATTATATAAAGGATGACCTGTAGTACCTATACCAAGCGGTCCCTCCTCTTCCTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6071_L1_Tile_rc|1
AAGAAATGTCTGGCATATAGTTGTTCTCTTCTTCCAAAGAAAAACAAGCTATCTCCATAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6076_L1_Tile_rc|1
TGACAAAGAAATGTCTGGCATATAGTTGTTCTCTTCTTCCAAAGAAAAACAAGCTATCTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6086_L1_Tile_rc|1
GTGCGTCTCTGACAAAGAAATGTCTGGCATATAGTTGTTCTCTTCTTCCAAAGAAAAAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6151_L1_Tile_rc|1
GGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGGTAGCTTCAAAGGTTCTGGTAGAGCATCTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6156_L1_Tile_rc|1
TTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGGTAGCTTCAAAGGTTCTGGTAGAGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6161_L1_Tile_rc|1
TGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGGTAGCTTCAAAGGTTCTGGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6166_L1_Tile_rc|1
TGTAATGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGGTAGCTTCAAAGGTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6171_L1_Tile_rc|1
TAAAGTGTACTGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGGTAGCTTCAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6176_L1_Tile_rc|1
GGTCCTAAAGTGTACTGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGGTAGCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6181_L1_Tile_rc|1
TATGAGGTCCCTAAAGTGTACTGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6186_L1_Tile_rc|1
ATAAATATGAGGTCCTAAAGTGTACTGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAATAATC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6191_L1_Tile_rc|1
CCTACATAAAATATGAGGTCCTAAAGTGTACTGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAATAAAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6196_L1_Tile_rc|1
GGGTCCCTACATAAAATATGAGGTCCTAAAGTGTACTGATCTTGTTGGTTTTGAGCACCAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6206_L1_Tile_rc|1

GAGCCACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCTAAAGTGACTGATCTTGTTGGTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6211_L1_Tile_rc|1
CTAAAGAGCCACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCTAAAGTGACTGATCTTGTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6216_L1_Tile_rc|1
GGATACTAAAGAGCCACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCTAAAGTGACTGATC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6221_L1_Tile_rc|1
TCACTGGATACTAAAGAGCCACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCTAAAGTGACT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6226_L1_Tile_rc|1
GGGATTCACTGGATACTAAAGAGCCACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCTAAAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6356_L1_Tile_rc|1
GACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTATGAGTGTTATCTACAAGAGTAACAAACAAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6361_L1_Tile_rc|1
CATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTATGAGTGTTATCTACAAGAGTAACAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6366_L1_Tile_rc|1
AGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTATGAGTGTTATCTACAAGAGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6371_L1_Tile_rc|1
TCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTATGAGTGTTATCTACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6376_L1_Tile_rc|1
AATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTATGAGTGTTAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6381_L1_Tile_rc|1
CTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTATGAGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6386_L1_Tile_rc|1
TTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6391_L1_Tile_rc|1
TAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6396_L1_Tile_rc|1
ATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6401_L1_Tile_rc|1
TTAAAATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6406_L1_Tile_rc|1
ACTGTTTAAAATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTTCACAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6411_L1_Tile_rc|1
GAGGTACTGTTTAAAATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCTGACTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6416_L1_Tile_rc|1
TGTCTGAGGTACTGTTTAAAATCACTAGCTTTATACTGATAATTGTCATTAGCACCATCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6626_L1_Tile_rc|1
TCAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTTGTAGCTCTAGATTGCAAAAATCTATATTGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6631_L1_Tile_rc|1
CTTTTTTCAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTTGTAGCTCTAGATTGCAAAAATCTAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6636_L1_Tile_rc|1
ATCTTCTTTTTTCAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTTGTAGCTCTAGATTGCAAAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6641_L1_Tile_rc|1
TATGGATCTTCTTTTTTCAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTTGTAGCTCTAGATTGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6646_L1_Tile_rc|1
CTTTATATGGATCTTCTTTTTTCAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTTGTAGCTCTAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6651_L1_Tile_rc|1
CAAATCTTTATATGGATCTTCTTTTTTCAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTTGTAGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6656_L1_Tile_rc|1
AAAGACAAATCTTTATATGGATCTTCTTTTTTCAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6771_L1_Tile_rc|1
TATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAATTAAACCACTTTGATATAAAAACCGCTGCC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6776_L1_Tile_rc|1
CTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAATTAAACCACTTTGATATAAAAACCGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6781_L1_Tile_rc|1
AAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAATTAAACCACTTTGATATAAAA

>HPV4_Gamma_9626597_nt6786_L1_Tile_rc|1
ATGAGAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAATTAAACCACTTTGATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6791_L1_Tile_rc|1
TGTGCATGAGAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAATTAAACCACTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6801_L1_Tile_rc|1
GGTATTAGTTTGTGCATGAGAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6811_L1_Tile_rc|1
CAGAACGTTTGGTATTAGTTTGTGCATGAGAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6816_L1_Tile_rc|1
TTTGGCAGAACGTTTGGTATTAGTTTGTGCATGAGAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTT
>HPV5_Beta_9627145_nt6278_L1_Tile_rc|1
AGAAAATGTTATGTATGCATTACTGTTTTCTGTATCTTTTACTTTATTGAAATAAGGGTG
>HPV5_Beta_9627145_nt6283_L1_Tile_rc|1
TCTTTAGAAAATGTTATGTATGCATTACTGTTTTCTGTATCTTTTACTTTATTGAAATAA
>HPV5_Beta_9627145_nt6513_L1_Tile_rc|1
CTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAAATTCATGTTCCCAAACCTATGTCTGCCATAT
>HPV5_Beta_9627145_nt6518_L1_Tile_rc|1
GACATCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAAATTCATGTTCCCAAACCTATGTCTGTC
>HPV5_Beta_9627145_nt6523_L1_Tile_rc|1
AAACTGACATCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAAATTCATGTTCCCAAACCTATG
>HPV5_Beta_9627145_nt6533_L1_Tile_rc|1
GACGATGTCTAAACTGACATCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAAATTCATGTTCCC
>HPV5_Beta_9627145_nt6538_L1_Tile_rc|1
TCATTGACGATGTCTAAACTGACATCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAAATTCATG
>HPV5_Beta_9627145_nt6958_L1_Tile_rc|1
TCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATACTGAAATTAGTATTTCTTGTGTTG
>HPV5_Beta_9627145_nt6963_L1_Tile_rc|1
CAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATACTGAAATTAGTATTTCTTG
>HPV5_Beta_9627145_nt6968_L1_Tile_rc|1
GTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATACTGAAATTAGTATT
>HPV5_Beta_9627145_nt6988_L1_Tile_rc|1
CTAAATTGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACA
>HPV5_Beta_9627145_nt6993_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTAAATTGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTGATTAT
>HPV5_Beta_9627145_nt6998_L1_Tile_rc|1
TTGATATTCTCTAAATTGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCAGCCTG
>HPV5_Beta_9627145_nt7003_L1_Tile_rc|1
TGTCTTTGATATTCTCTAAATTGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTGCTCCA
>HPV5_Beta_9627145_nt7008_L1_Tile_rc|1
CTACATGTCTTTGATATTCTCTAAATTGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTAGTG
>HPV5_Beta_9627145_nt7068_L1_Tile_rc|1
ATACCTGTGCCTTTAAAGGAACCTTACAGAGTTGTAGAATTAAAGATATTTTCATATTCTT
>HPV5_Beta_9627145_nt7073_L1_Tile_rc|1
TGCCAATACCTGTGCCTTTAAAGGAACCTTACAGAGTTGTAGAATTAAAGATATTTTCATA
>HPV5_Beta_9627145_nt7078_L1_Tile_rc|1
ATCTGTGCCAATACCTGTGCCTTTAAAGGAACCTTACAGAGTTGTAGAATTAAAGATATT
>HPV5_Beta_9627145_nt7223_L1_Tile_rc|1
GTCTTCCTTTCTTTTCGGAGGATTCTTATCTGGACACCGTGTAGCCAAAGAGTCAATATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt5926_L1_Tile_rc|1
ATATCCTGACACCTTTGGCACAACAGTTTGTGTAGCCCGTTTTATGGAAAAATAAGGATG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6131_L1_Tile_rc|1
TACCACCACTCCCTGAATTTTCAACATCATCATATTTATTTAGGAAAGGATGTCCACTTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6141_L1_Tile_rc|1
TGTCCAGGGTTACCACCACTCCCTGAATTTTCAACATCATCATATTTATTTAGGAAAGGA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6146_L1_Tile_rc|1

TATCCTGTCCAGGGTTACCACCACTCCCTGAATTTTCAACATCATCATATTTATTTAGGA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6151_L1_Tile_rc|1
CCTGTTATCCTGTCCAGGGTTACCACCACTCCCTGAATTTTCAACATCATCATATTTATT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6266_L1_Tile_rc|1
CAGCCTGTACAGGTGTATTAGTACACTGTTTACCTTTACCCCAATGCTCGCCCAAAGGGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6561_L1_Tile_rc|1
CCACTACCTTAATTATAAGAGTATCAGGCACAGGTTCCCCACCTCGCCAGCCCTGTTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6566_L1_Tile_rc|1
GATTTCCACTACCCTTAATTATAAGAGTATCAGGCACAGGTTCCCCACCTCGCCAGCCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6571_L1_Tile_rc|1
CGTTCGATTTCCACTACCCTTAATTATAAGAGTATCAGGCACAGGTTCCCCACCTCGCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6591_L1_Tile_rc|1
TATATACTACTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACTACCCTTAATTATAAGAGTATCAGGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6596_L1_Tile_rc|1
TAACATATATACTACTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACTACCCTTAATTATAAGAGTAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6601_L1_Tile_rc|1
GGTGTAAACATATATACTACTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACTACCCTTAATTATAAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6611_L1_Tile_rc|1
AGCCGCTTGGGGTGTAAACATATATACTACTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACTACCCT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6616_L1_Tile_rc|1
CAAAGAGCCGCTTGGGGTGTAAACATATATACTACTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6621_L1_Tile_rc|1
GACACCAAAGAGCCGCTTGGGGTGTAAACATATATACTACTCCCTACAGACGTTTCGATTT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6791_L1_Tile_rc|1
CAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTACGGATGCACATAATGTCATGTTGGTACTGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6796_L1_Tile_rc|1
ATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTACGGATGCACATAATGTCATGTTGGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6801_L1_Tile_rc|1
TCTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTACGGATGCACATAATGTCATG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6806_L1_Tile_rc|1
TGTACTCTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTACGGATGCACATAATG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6811_L1_Tile_rc|1
ACGCATGTACTCTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTACGGATGCACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6816_L1_Tile_rc|1
ACATGACGCATGTACTCTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTACGGAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6821_L1_Tile_rc|1
CTTCCACATGACGCATGTACTCTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6826_L1_Tile_rc|1
ATACTCTTCCACATGACGCATGTACTCTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7171_L1_Tile_rc|1
CTTAACACCGGTACGAATAGAGGACCGTCCCCATATCCACTTTGTAACAAAACTTGCG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7191_L1_Tile_rc|1
GCTTTGGAAACAGCAGGGCGCTTAACACCGGTACGAATAGAGGACCGTCCCCATATATCCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5904_L1_Tile_rc|1
ATTAGGCTTTTTCAATTCAAATATGGATGTCCTATGGTTAATAACCTGGTACTACCTGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt5909_L1_Tile_rc|1
TCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAAATATGGATGTCCTATGGTTAATAACCTGGTACTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5914_L1_Tile_rc|1
ATACATCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAAATATGGATGTCCTATGGTTAATAACCTGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt5919_L1_Tile_rc|1
CACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAAATATGGATGTCCTATGGTTAATAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5924_L1_Tile_rc|1
TTAGGCACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAAATATGGATGTCCTATGGTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5929_L1_Tile_rc|1
ACACTTTAGGCACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAAATATGGATGTCCTA

>HPV7_Alpha_9627389_nt5934_L1_Tile_rc|1
TCCAGACACTTTAGGCACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAAAATATGGATG
>HPV7_Alpha_9627389_nt5939_L1_Tile_rc|1
TGATGTCCAGACACTTTAGGCACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAAAATAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5944_L1_Tile_rc|1
TGTATTGATGTCCAGACACTTTAGGCACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTCAATTCAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6004_L1_Tile_rc|1
ATAAAGACGTGTCTGATAATCCAAATTTATTAGGGTCGGGCAAGCGTACTCTAAACACTC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6014_L1_Tile_rc|1
TCAGAATTAAATAAAGACGTGTCTGATAATCCAAATTTATTAGGGTCGGGCAAGCGTACT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6029_L1_Tile_rc|1
ACAAGGCGTTGGGTTTCAGAATTAAATAAAGACGTGTCTGATAATCCAAATTTATTAGGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt6584_L1_Tile_rc|1
GCGCGATTAGATGAACCTGTTATATATAAAATCATTGGAACACTGTCTCCAGTAGTTCCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6589_L1_Tile_rc|1
TAGAAGCGCGATTAGATGAACCTGTTATATATAAAATCATTGGAACACTGTCTCCAGTAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt6594_L1_Tile_rc|1
TGCAATAGAAGCGCGATTAGATGAACCTGTTATATATAAAATCATTGGAACACTGTCTCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6959_L1_Tile_rc|1
GGACCAATTTTAAATTCGAATCATCTAATAAGGAAGAATCCATAGCATGTATATATGTC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6979_L1_Tile_rc|1
CCAAGGTTGCAGACGCTGGAGGACCAATTTTAAATTCGAATCATCTAATAAGGAAGAAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6984_L1_Tile_rc|1
ATCTTCCAAGGTTGCAGACGCTGGAGGACCAATTTTAAATTCGAATCATCTAATAAGGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7034_L1_Tile_rc|1
GGTGCATCACGCTGACATGCTATGGCTTTATTGGTAAGAAACCTATAAGTATCTTCCAAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt7044_L1_Tile_rc|1
TTCTTTTGGGGTGCATCACGCTGACATGCTATGGCTTTATTGGTAAGAAACCTATAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6007_L1_Tile_rc|1
CTGTGTTGATTCCCGATACTTTGGGAACCTGTAATGTGTACCATTTATTGTTGTAAACA
>HPV8_Beta_333074_nt6012_L1_Tile_rc|1
AGACCCTGTGTTGATTTCCTGATACTTTGGGAACCTGTAATGTGTACCATTTATTGTTGT
>HPV8_Beta_333074_nt6027_L1_Tile_rc|1
GTAACCTTTAAGCGAAAGACCCTGTGTTGATTTCCTGATACTTTGGGAACCTGTAATGTGT
>HPV8_Beta_333074_nt6042_L1_Tile_rc|2
ACCTATTTGGATCTGGTAACCTTTAAGCGAAAGACCCTGTGTTGATTTCCTGATACTTTGG
>HPV8_Beta_333074_nt6197_L1_Tile_rc|1
TGAATTGCTGTTTTTCAGTGTCTTTTCACTTTATTAAATAGGGATGGCCGGTGCTCCCAAC
>HPV8_Beta_333074_nt6202_L1_Tile_rc|2
GTGTATGAATTGCTGTTTTTCAGTGTCTTTTCACTTTATTAAATAGGGATGGCCGGTGCTC
>HPV8_Beta_333074_nt6207_L1_Tile_rc|1
TTGTGGTGTATGAATTGCTGTTTTTCAGTGTCTTTTCACTTTATTAAATAGGGATGGCCGG
>HPV8_Beta_333074_nt6357_L1_Tile_rc|1
GTTCAATGGGTGGGCACAGACCTTGCTGTTGGTCCTCTGCACATGGAATGGCTTTTCCC
>HPV8_Beta_333074_nt6362_L1_Tile_rc|2
TTTTAGTTCAATGGGTGGGCACAGACCTTGCTGTTGGTCCTCTGCACATGGAATGGCTTT
>HPV8_Beta_333074_nt6367_L1_Tile_rc|1
GTATTTTTTAGTTCAATGGGTGGGCACAGACCTTGCTGTTGGTCCTCTGCACATGGAATG
>HPV8_Beta_333074_nt6372_L1_Tile_rc|1
TAAGTGTATTTTTAGTTCAATGGGTGGGCACAGACCTTGCTGTTGGTCCTCTGCACATG
>HPV8_Beta_333074_nt6377_L1_Tile_rc|1
TTCAATAACTGTATTTTTTAGTTCAATGGGTGGGCACAGACCTTGCTGTTGGTCCTCTGC
>HPV8_Beta_333074_nt6382_L1_Tile_rc|2
CCATCTTCAATAACTGTATTTTTTAGTTCAATGGGTGGGCACAGACCTTGCTGTTGGTCC
>HPV8_Beta_333074_nt6457_L1_Tile_rc|1

TCGAGACTTACATCAGATCTGTTCTGTTGTAAAGTCTTAAAGTTCATATTACCAAACCA
>HPV8_Beta_333074_nt6462_L1_Tile_rc|2
CTATGTCGAGACTTACATCAGATCTGTTCTGTTGTAAAGTCTTAAAGTTCATATTACCAA
>HPV8_Beta_333074_nt6467_L1_Tile_rc|1
ATTTACTATGTCGAGACTTACATCAGATCTGTTCTGTTGTAAAGTCTTAAAGTTCATATT
>HPV8_Beta_333074_nt6472_L1_Tile_rc|1
ATCTCATTTACTATGTCGAGACTTACATCAGATCTGTTCTGTTGTAAAGTCTTAAAGTTC
>HPV8_Beta_333074_nt6477_L1_Tile_rc|1
TGCATATCTCATTTACTATGTCGAGACTTACATCAGATCTGTTCTGTTGTAAAGTCTTAA
>HPV8_Beta_333074_nt6482_L1_Tile_rc|2
ATATTTGCATATCTCATTTACTATGTCGAGACTTACATCAGATCTGTTCTGTTGTAAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6892_L1_Tile_rc|1
ATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGTGT
>HPV8_Beta_333074_nt6897_L1_Tile_rc|1
CTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGTGT
>HPV8_Beta_333074_nt6902_L1_Tile_rc|2
ATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6907_L1_Tile_rc|1
GATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGTGTAAAGTGTAAAGTGT
>HPV8_Beta_333074_nt6912_L1_Tile_rc|1
GGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGTGTAAAGTGT
>HPV8_Beta_333074_nt6917_L1_Tile_rc|1
GAACTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGTGTAAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6922_L1_Tile_rc|2
TCTCTGAACTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6927_L1_Tile_rc|1
GATATTCTCTGAACTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGTGTAAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6932_L1_Tile_rc|1
TCTCAGATATTCTCTGAACTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCTTCAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt6937_L1_Tile_rc|1
ACATGTCTCAGATATTCTCTGAACTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGTTCCT
>HPV8_Beta_333074_nt6942_L1_Tile_rc|2
CTTCTACATGTCTCAGATATTCTCTGAACTGGGTTGATTTATAGTCTGTGATGTTCTTAAGT
>HPV8_Beta_333074_nt7002_L1_Tile_rc|2
CTAAAACATCAGCCTTTAGTGGTATCTTACACAATTGTAATATGAGGGAAATTTTCATATT
>HPV8_Beta_333074_nt7012_L1_Tile_rc|1
TTGATTTGTGCTAAAACATCAGCCTTTAGTGGTATCTTACACAATTGTAATATGAGGGAA
>HPV8_Beta_333074_nt7077_L1_Tile_rc|1
TTGGAGTATCAGGGGTAGGTACAAATCCCAGTTGCCATTCCCTCAAGTAGTGATGAATTCA
>HPV8_Beta_333074_nt7082_L1_Tile_rc|2
ATGAATTGGAGTATCAGGGGTAGGTACAAATCCCAGTTGCCATTCCCTCAAGTAGTGATGA
>HPV8_Beta_333074_nt7197_L1_Tile_rc|1
GTTCTGTAAGGTCCACATTCCAGAAGTTAAACTTTGCATATGGATCAGGCTTTTCCTTAG
>HPV8_Beta_333074_nt7202_L1_Tile_rc|2
AAGTCGTTCTGTAAGGTCCACATTCCAGAAGTTAAACTTTGCATATGGATCAGGCTTTTC
>HPV8_Beta_333074_nt7207_L1_Tile_rc|1
AGGGAAAGTCGTTCTGTAAGGTCCACATTCCAGAAGTTAAACTTTGCATATGGATCAGGC
>HPV8_Beta_333074_nt7217_L1_Tile_rc|1
ATCCAAATCCAGGGAAAGTCGTTCTGTAAGGTCCACATTCCAGAAGTTAAACTTTGCATA
>HPV8_Beta_333074_nt7222_L1_Tile_rc|2
TATTGATCCAAATCCAGGGAAAGTCGTTCTGTAAGGTCCACATTCCAGAAGTTAAACTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt5861_L1_Tile_rc|1
GTCCGTCGCCTGAGCGGACATCATAATATGGATGACCCACTGTTAGCAAACGGTCACTAA
>HPV9_Beta_9627396_nt5866_L1_Tile_rc|1
CCTTTGTCCGTCGCCTGAGCGGACATCATAATATGGATGACCCACTGTTAGCAAACGGTC

>HPV9_Beta_9627396_nt5871_L1_Tile_rc|1
TCAATCCTTTGTCCGTCGCCTGAGCGGACATCATAATATGGATGACCCACTGTTAGCAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt5881_L1_Tile_rc|1
TTTAGGGACTTCAATCCTTTGTCCGTCGCCTGAGCGGACATCATAATATGGATGACCCAC
>HPV9_Beta_9627396_nt5901_L1_Tile_rc|1
CGATACTGATTACCAGACACTTTAGGGACTTCAATCCTTTGTCCGTCGCCTGAGCGGACA
>HPV9_Beta_9627396_nt6181_L1_Tile_rc|1
TAAGCATGGAATACATCCTATAATGAACATTTGTACCTGTTTGGGGTCAAAAGATGTGTT
>HPV9_Beta_9627396_nt6236_L1_Tile_rc|1
CTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTTGGCTTTATCCCAGTGTTCTCCTAAGC
>HPV9_Beta_9627396_nt6241_L1_Tile_rc|1
TAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTTGGCTTTATCCCAGTGTTCTCC
>HPV9_Beta_9627396_nt6246_L1_Tile_rc|1
GGACATAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTTGGCTTTATCCCAGTGT
>HPV9_Beta_9627396_nt6251_L1_Tile_rc|1
TAGGAGGACATAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTTGGCTTTATCCC
>HPV9_Beta_9627396_nt6256_L1_Tile_rc|1
TTCTATAGGAGGACATAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTTGGCTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt6261_L1_Tile_rc|1
CTTAATTCTATAGGAGGACATAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTTG
>HPV9_Beta_9627396_nt6266_L1_Tile_rc|1
TGTTTCTTAATTCTATAGGAGGACATAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACA
>HPV9_Beta_9627396_nt6366_L1_Tile_rc|1
TCAACAATATCTAAGCTTACATCAGACTTATTAAAGGACAGTTCCTTATTGTTGATATTT
>HPV9_Beta_9627396_nt6371_L1_Tile_rc|1
TTTCATCAACAATATCTAAGCTTACATCAGACTTATTAAAGGACAGTTCCTTATTGTTGA
>HPV9_Beta_9627396_nt6521_L1_Tile_rc|1
GGTTTACTGCACCATCAGGAACAGCGTCACCAACTGAACCTCCTCTAACATAATAATGCC
>HPV9_Beta_9627396_nt6526_L1_Tile_rc|1
ATCCTGGTTTACTGCACCATCAGGAACAGCGTCACCAACTGAACCTCCTCTAACATAATA
>HPV9_Beta_9627396_nt6536_L1_Tile_rc|1
AGAAATTATGATCCTGGTTTACTGCACCATCAGGAACAGCGTCACCAACTGAACCTCCTC
>HPV9_Beta_9627396_nt6551_L1_Tile_rc|1
TTTTTGTCTGGCAAAAAGAAATTATGATCCTGGTTTACTGCACCATCAGGAACAGCGTCAC
>HPV9_Beta_9627396_nt6556_L1_Tile_rc|1
ATCACTTTTTGCTGGCAAAAAGAAATTATGATCCTGGTTTACTGCACCATCAGGAACAGC
>HPV9_Beta_9627396_nt6586_L1_Tile_rc|1
GGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTGCTGGCAAAAAGAAATTATG
>HPV9_Beta_9627396_nt6596_L1_Tile_rc|1
TAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTGCTGGCAAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6601_L1_Tile_rc|1
TACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTGCTGG
>HPV9_Beta_9627396_nt6606_L1_Tile_rc|1
CCACTTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt6616_L1_Tile_rc|1
TACTAATGACCCACTTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTG
>HPV9_Beta_9627396_nt6621_L1_Tile_rc|1
GAAGTTACTAATGACCCACTTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGT
>HPV9_Beta_9627396_nt6756_L1_Tile_rc|1
GACACACTAATGGTAAAATTGGTGTTACGTGTATTGTCTGCCACTGTAACAAATATCTGA
>HPV9_Beta_9627396_nt6766_L1_Tile_rc|1
TGCCTCTGTAGACACACTAATGGTAAAATTGGTGTTACGTGTATTGTCTGCCACTGTAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt6776_L1_Tile_rc|1
CTGTTTGAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGTAAAATTGGTGTTACGTGTATTGTCTG
>HPV9_Beta_9627396_nt6781_L1_Tile_rc|1

TTCTTCTGTTTGAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGTAAAATTGGTGTTACGTGTATT
>HPV9_Beta_9627396_nt6786_L1_Tile_rc|1
TTATATTCTTCTGTTTGAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGTAAAATTGGTGTTACGT
>HPV9_Beta_9627396_nt6791_L1_Tile_rc|1
TGGCATTATATTCTTCTGTTTGAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGTAAAATTGGTGT
>HPV9_Beta_9627396_nt6796_L1_Tile_rc|1
ATTATTGGCATTATATTCTTCTGTTTGAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGTAAAATT
>HPV9_Beta_9627396_nt6801_L1_Tile_rc|1
CTAATATTATTGGCATTATATTCTTCTGTTTGAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGTA
>HPV9_Beta_9627396_nt6806_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTAATATTATTGGCATTATATTCTTCTGTTTGAGCTGCCTCTGTAGACACACTAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6886_L1_Tile_rc|1
GGATAATACTTCAGCTACTAAAGGCACCTTACACAACCTGTAAGATTAATGAAATCTGATA
>HPV9_Beta_9627396_nt6891_L1_Tile_rc|1
ATCTGGGATAATACTTCAGCTACTAAAGGCACCTTACACAACCTGTAAGATTAATGAAATC
>HPV9_Beta_9627396_nt7026_L1_Tile_rc|1
TCTGTAGGCTCAACAGCATCTGGGCATTTTGTGGCTTTTGAATCAATATATCTGTAGATA
>HPV9_Beta_9627396_nt7096_L1_Tile_rc|1
AAGATCCAACGATAATCTTTCAGTTAGATCCACTTTCCAAATGAGTATTTGGCAAAGGG
>HPV9_Beta_9627396_nt7101_L1_Tile_rc|1
TGATCAAGATCCAACGATAATCTTTCAGTTAGATCCACTTTCCAAATGAGTATTTGGCA
>HPV9_Beta_9627396_nt7136_L1_Tile_rc|1
CAGCTTGAAAAAGAAATTTTCTACCTAAAGGATATTGATCAAGATCCAACGATAATCTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt7166_L1_Tile_rc|1
TTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAACCAGCTTGAAAAAGAAATTTTCTACCTAAAG
>HPV9_Beta_9627396_nt7171_L1_Tile_rc|1
AGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAACCAGCTTGAAAAAGAAATTTTCTACC
>HPV9_Beta_9627396_nt7176_L1_Tile_rc|1
TTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAACCAGCTTGAAAAAGAAATTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt7181_L1_Tile_rc|1
ATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAACCAGCTTGAAAAAGAA
>HPV9_Beta_9627396_nt7186_L1_Tile_rc|1
TTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAACCAGCTTGAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt7191_L1_Tile_rc|1
GCATTTTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAACCAGCT
>HPV9_Beta_9627396_nt7196_L1_Tile_rc|1
TCTTAGCATTTTTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt7201_L1_Tile_rc|1
CCTTCTCTTAGCATTTTTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTG
>HPV9_Beta_9627396_nt7206_L1_Tile_rc|1
GTTTCGCTTCTCTTAGCATTTTTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGT
>HPV9_Beta_9627396_nt7210_L1_Tile_rc|1
TTAGGTTCGCCCTTCTCTTAGCATTTTTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTT
>HPV10_Alpha_9627257_nt6590_L1_Tile_rc|1
ATATGAAAGTGCTGGGATGGCGTCTCCAACAGCACTAGCCCGATTAAAGAAATGTCTTG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6595_L1_Tile_rc|1
CTTTAATATGAAAGTGCTGGGATGGCGTCTCCAACAGCACTAGCCCGATTAAAGAAATG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6600_L1_Tile_rc|1
TTGCTCTTTAATATGAAAGTGCTGGGATGGCGTCTCCAACAGCACTAGCCCGATTAAAG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6615_L1_Tile_rc|1
TCTCGCCCCCACC GTTGCTCTTTAATATGAAAGTGCTGGGATGGCGTCTCCAACAGCA
>HPV10_Alpha_9627257_nt6625_L1_Tile_rc|1
ACTACCAACGTCTCGCCCCCACC GTTGCTCTTTAATATGAAAGTGCTGGGATGGCGTC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6815_L1_Tile_rc|1
GGGAGGCCTCAGAAGGAACACACAAGCACATATTGGTACTGCGAGTCGTGTCTACCACAG

>HPV10_Alpha_9627257_nt6820_L1_Tile_rc|1
GGCAGGGGAGGCTCAGAAGGAACACACAAGCACATATTGGTACTGCGAGTCGTGTCTAC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6825_L1_Tile_rc|1
GTAGTGGCAGGGGAGGCTCAGAAGGAACACACAAGCACATATTGGTACTGCGAGTCGTG
>HPV10_Alpha_9627257_nt6840_L1_Tile_rc|1
TTGGTGGCGTCATACGTAGTGGCAGGGGAGGCTCAGAAGGAACACACAAGCACATATTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4918_L1_Tile_rc|1
GCAAATAAAATGTATCAAATGCATCAAACCATCCACAACAATAGGAGGTTTCAGACACAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4923_L1_Tile_rc|1
TGGATGCAAATAAAATGTATCAAATGCATCAAAACCATCCACAACAATAGGAGGTTTCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4928_L1_Tile_rc|1
TGACTTGGATGCAAATAAAATGTATCAAATGCATCAAACCATCCACAACAATAGGAGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4933_L1_Tile_rc|1
GTCTGTGACTTGGATGCAAATAAAATGTATCAAATGCATCAAAACCATCCACAACAATAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4938_L1_Tile_rc|1
TTTGCCTGTGTGACTTGGATGCAAATAAAATGTATCAAATGCATCAAAACCATCCACAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4963_L1_Tile_rc|1
AAAAACCAGACCGTTTGCCTTGCCTTGCCTTGCCTGTGTGACTTGGATGCAAATAAAATGTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4968_L1_Tile_rc|1
ACATTAAAAACCAGACCGTTTGCCTTGCCTTGCCTTGCCTGTGTGACTTGGATGCAAATAAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5008_L1_Tile_rc|1
TTTACCAGTCTGAGGTAGCCACAAACCAGCCATCTGCAAAACATTAAAAACCAGACCGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5013_L1_Tile_rc|1
TATATTTTACCAGTCTGAGGTAGCCACAAACCAGCCATCTGCAAAACATTAAAAACCAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5018_L1_Tile_rc|1
GTAGGTATATTTTACCAGTCTGAGGTAGCCACAAACCAGCCATCTGCAAAACATTAAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5043_L1_Tile_rc|1
CTCCTAGACACAGGAGGAGCTGGAGGTAGGTATATTTTACCAGTCTGAGGTAGCCACAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5048_L1_Tile_rc|1
TAAGACTCCTAGACACAGGAGGAGCTGGAGGTAGGTATATTTTACCAGTCTGAGGTAGCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5053_L1_Tile_rc|1
GGTGGTAAGACTCCTAGACACAGGAGGAGCTGGAGGTAGGTATATTTTACCAGTCTGAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5058_L1_Tile_rc|1
TCATCGGTGGTAAGACTCCTAGACACAGGAGGAGCTGGAGGTAGGTATATTTTACCAGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5063_L1_Tile_rc|1
CATATTCATCGGTGGTAAGACTCCTAGACACAGGAGGAGCTGGAGGTAGGTATATTTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5083_L1_Tile_rc|1
GAATACAGATGTTTCCACAACATATTCATCGGTGGTAAGACTCCTAGACACAGGAGGAGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5088_L1_Tile_rc|1
TGGAAGAATACAGATGTTTCCACAACATATTCATCGGTGGTAAGACTCCTAGACACAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5118_L1_Tile_rc|1
CCCACAGTTACTAGACGATCACTGGATGCATGGAAGAATACAGATGTTTCCACAACATAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5128_L1_Tile_rc|1
ATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGACGATCACTGGATGCATGGAAGAATACAGATGTTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5133_L1_Tile_rc|1
GGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGACGATCACTGGATGCATGGAAGAATACAGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5138_L1_Tile_rc|1
TAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGACGATCACTGGATGCATGGAAGAATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5143_L1_Tile_rc|1
TTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGACGATCACTGGATGCATGGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5148_L1_Tile_rc|1
CCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGACGATCACTGGATGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5153_L1_Tile_rc|1
GATTGCCTGGTTTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGACGATCACTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5158_L1_Tile_rc|1

GGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGACGATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5163_L1_Tile_rc|1
TCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5168_L1_Tile_rc|1
GAACCTCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5178_L1_Tile_rc|1
GAAACCTTAGGAACCTCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5183_L1_Tile_rc|1
TGCCAGAAACCTTAGGAACCTCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5188_L1_Tile_rc|1
CTGGTTGCCAGAAACCTTAGGAACCTCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5193_L1_Tile_rc|1
CTAAACTGGTTGCCAGAAACCTTAGGAACCTCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5198_L1_Tile_rc|1
AAGCCCTAAACTGGTTGCCAGAAACCTTAGGAACCTCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5208_L1_Tile_rc|1
CGTAGGCGAAAAGCCCTAAACTGGTTGCCAGAAACCTTAGGAACCTCAACGGTGTGATTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5223_L1_Tile_rc|1
TTGGGATCTGGGAGACGTAGGCGAAAAGCCCTAAACTGGTTGCCAGAAACCTTAGGAACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5233_L1_Tile_rc|1
AGCAAACCTATTGGGATCTGGGAGACGTAGGCGAAAAGCCCTAAACTGGTTGCCAGAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5238_L1_Tile_rc|1
ATTAAAGCAAACCTATTGGGATCTGGGAGACGTAGGCGAAAAGCCCTAAACTGGTTGCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5298_L1_Tile_rc|1
TCAATTCCCTCTAAGACGCCACACGAGGCGCTCCGATTCAACATTATACAATTGTTTGTCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5303_L1_Tile_rc|1
CAATATCAATTCCCTCTAAGACGCCACACGAGGCGCTCCGATTCAACATTATACAATTGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5308_L1_Tile_rc|1
TCTGCCAATATCAATTCCCTCTAAGACGCCACACGAGGCGCTCCGATTCAACATTATACAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5313_L1_Tile_rc|1
CCTCCTCTGCCAATATCAATTCCCTCTAAGACGCCACACGAGGCGCTCCGATTCAACATTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5403_L1_Tile_rc|1
TTAGCACCACCCTTTTGATATCCATTAGGATTTTCAGTATCCTTTAACTTATTAAATAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5408_L1_Tile_rc|1
CGTCCTTAGCACCACCCTTTTGATATCCATTAGGATTTTCAGTATCCTTTAACTTATTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5413_L1_Tile_rc|1
TCTAGCGTCCCTTAGCACCACCCTTTTGATATCCATTAGGATTTTCAGTATCCTTTAACTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5423_L1_Tile_rc|1
AAACATTTTGTCTAGCGTCCCTTAGCACCACCCTTTTGATATCCATTAGGATTTTCAGTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5428_L1_Tile_rc|1
CATAGAAACATTTTGTCTAGCGTCCCTTAGCACCACCCTTTTGATATCCATTAGGATTTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5433_L1_Tile_rc|1
GGATCCATAGAAACATTTTGTCTAGCGTCCCTTAGCACCACCCTTTTGATATCCATTAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5438_L1_Tile_rc|1
GTTTAGGATCCATAGAAACATTTTGTCTAGCGTCCCTTAGCACCACCCTTTTGATATCCAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5543_L1_Tile_rc|1
GTAAAGGAGGACAGGTGCCTTTAGGAGGATTTTGTACATGCAGGAGCAACATCCCAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5548_L1_Tile_rc|1
CAACTGTAAAGGAGGACAGGTGCCTTTAGGAGGATTTTGTACATGCAGGAGCAACATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5558_L1_Tile_rc|1
CAGAGGACACCAACTGTAAAGGAGGACAGGTGCCTTTAGGAGGATTTTGTACATGCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5563_L1_Tile_rc|1
AATAACAGAGGACACCAACTGTAAAGGAGGACAGGTGCCTTTAGGAGGATTTTGTACACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5568_L1_Tile_rc|1
TCCTGAATAACAGAGGACACCAACTGTAAAGGAGGACAGGTGCCTTTAGGAGGATTTTGT

>HPV101_Unclassified_109390389_nt5658_L1_Tile_rc|1
TCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAGTGATCAGCCTGCAAGGCAGCAAAATTCATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5663_L1_Tile_rc|1
AAGTATCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAGTGATCAGCCTGCAAGGCAGCAAAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5668_L1_Tile_rc|1
TTTACAAGTATCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAGTGATCAGCCTGCAAGGCAGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5678_L1_Tile_rc|1
AGTCTGGCCATTTACAAGTATCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAGTGATCAGCCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5683_L1_Tile_rc|1
AAGAAAGTCTGGCCATTTACAAGTATCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAGTGATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5688_L1_Tile_rc|1
ATACCAAGAAAGTCTGGCCATTTACAAGTATCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5698_L1_Tile_rc|1
ATCATTGGCCATACCAAGAAAGTCTGGCCATTTACAAGTATCTGCAACAATATCTAGGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5723_L1_Tile_rc|1
AGAAAAACATACCATCCCCAAACCTATCATTGGCCATACCAAGAAAGTCTGGCCATTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5743_L1_Tile_rc|1
CACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACATACCATCCCCAAACCTATCATTGGCCATACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5748_L1_Tile_rc|1
GCATACACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACATACCATCCCCAAACCTATCATTGGCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5758_L1_Tile_rc|1
ATAATGACGTGCATACACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACATACCATCCCCAAACCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5763_L1_Tile_rc|1
GTGAAATAATGACGTGCATACACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACATACCATCCCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5768_L1_Tile_rc|1
TATGGGTGAAATAATGACGTGCATACACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACATACCAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5773_L1_Tile_rc|1
GCCATTATGGGTGAAATAATGACGTGCATACACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5778_L1_Tile_rc|1
ACAGTGCCATTATGGGTGAAATAATGACGTGCATACACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5793_L1_Tile_rc|1
GGAACACTGTCACCAACAGTGCCATTATGGGTGAAATAATGACGTGCATACACCTGCTCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5798_L1_Tile_rc|1
CCTCTGGAACACTGTCACCAACAGTGCCATTATGGGTGAAATAATGACGTGCATACACCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5808_L1_Tile_rc|1
TCAAACCCCTCCTCTGGAACACTGTCACCAACAGTGCCATTATGGGTGAAATAATGACGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5818_L1_Tile_rc|1
ACCATTACCCCTCAAACCCCTCCTCTGGAACACTGTCACCAACAGTGCCATTATGGGTGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5828_L1_Tile_rc|1
AATACTTTTTTACCATTACCCTCAAACCCCTCCTCTGGAACACTGTCACCAACAGTGCCAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5833_L1_Tile_rc|1
AATAAAATACTTTTTTACCATTACCCTCAAACCCCTCCTCTGGAACACTGTCACCAACAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5848_L1_Tile_rc|1
GCCTTGCTCAGCACCAATAAAATACTTTTTTACCATTACCCTCAAACCCCTCCTCTGGAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5863_L1_Tile_rc|1
CTGATGCTGGTCCTGGCCTTGCTCAGCACCAATAAAATACTTTTTTACCATTACCCTCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5868_L1_Tile_rc|1
GCCAGCTGATGCTGGTCCTGGCCTTGCTCAGCACCAATAAAATACTTTTTTACCATTACCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5878_L1_Tile_rc|1
TAAAGAGGGAGCCAGCTGATGCTGGTCCTGGCCTTGCTCAGCACCAATAAAATACTTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5883_L1_Tile_rc|1
AAATATAAAGAGGGAGCCAGCTGATGCTGGTCCTGGCCTTGCTCAGCACCAATAAAATAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5888_L1_Tile_rc|1
TAGCAAAATATAAAGAGGGAGCCAGCTGATGCTGGTCCTGGCCTTGCTCAGCACCAATAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5893_L1_Tile_rc|1

AGGTGTAGCAAAATATAAAGAGGGAGCCAGCTGATGCTGGTCCTGGCCTTGCTCAGCACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5913_L1_Tile_rc|1
CTAGATGCTAAGGACCCACTAGGTGTAGCAAAATATAAAGAGGGAGCCAGCTGATGCTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5918_L1_Tile_rc|1
AGTCACTAGATGCTAAGGACCCACTAGGTGTAGCAAAATATAAAGAGGGAGCCAGCTGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5928_L1_Tile_rc|1
AATAACTGGGAGTCACTAGATGCTAAGGACCCACTAGGTGTAGCAAAATATAAAGAGGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5933_L1_Tile_rc|1
TACTAAATAACTGGGAGTCACTAGATGCTAAGGACCCACTAGGTGTAGCAAAATATAAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5958_L1_Tile_rc|1
TGAGCCCGTTCAATCCAGTAGGGCCTACTAAATAACTGGGAGTCACTAGATGCTAAGGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5978_L1_Tile_rc|1
ATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATCCAGTAGGGCCTACTAAATAACTGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5983_L1_Tile_rc|1
CCATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATCCAGTAGGGCCTACTAAATAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5988_L1_Tile_rc|1
TTATTCCATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATCCAGTAGGGCCTACTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5993_L1_Tile_rc|1
CATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATCCAGTAGGGCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5998_L1_Tile_rc|1
AAATACATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATCCAGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6003_L1_Tile_rc|1
GTAACAAATACATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6008_L1_Tile_rc|1
CCAAAGTAACAAATACATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6018_L1_Tile_rc|1
GTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAGCACCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6023_L1_Tile_rc|1
TGTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6033_L1_Tile_rc|1
AAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTATTATTCCATAATACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6038_L1_Tile_rc|1
TAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTATTATTCCATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6043_L1_Tile_rc|1
ATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTATTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6048_L1_Tile_rc|1
GCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6053_L1_Tile_rc|1
CTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6058_L1_Tile_rc|1
ATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAGTAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6063_L1_Tile_rc|1
ATATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6068_L1_Tile_rc|1
ACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6073_L1_Tile_rc|1
ATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6078_L1_Tile_rc|1
GAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6088_L1_Tile_rc|1
GTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6093_L1_Tile_rc|1
TGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6098_L1_Tile_rc|1
GGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACATTA

>HPV101_Unclassified_109390389_nt6103_L1_Tile_rc|1
TCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6108_L1_Tile_rc|1
ACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6113_L1_Tile_rc|1
CCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6118_L1_Tile_rc|1
AAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6123_L1_Tile_rc|1
ATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6128_L1_Tile_rc|1
GAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6133_L1_Tile_rc|1
AATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6138_L1_Tile_rc|1
TGCACAATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6143_L1_Tile_rc|1
AGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6158_L1_Tile_rc|1
TAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6163_L1_Tile_rc|1
GGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6173_L1_Tile_rc|1
CCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTCAAATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6178_L1_Tile_rc|1
GTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6183_L1_Tile_rc|1
TGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6193_L1_Tile_rc|1
ATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6198_L1_Tile_rc|1
GAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6203_L1_Tile_rc|1
GAATAGAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6208_L1_Tile_rc|1
ATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6213_L1_Tile_rc|1
CATTCATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6218_L1_Tile_rc|1
ATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6223_L1_Tile_rc|1
ACCTAATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6238_L1_Tile_rc|1
CGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAGTGTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6243_L1_Tile_rc|1
GTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6248_L1_Tile_rc|1
TAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGGATTCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6253_L1_Tile_rc|1
TTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6263_L1_Tile_rc|1
TGTAAGTGGTTTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTCATCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6268_L1_Tile_rc|1
ATATCTGTAAAGTGGTTTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6273_L1_Tile_rc|1

TCAATATATCTGTAAGTGGTTTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6278_L1_Tile_rc|1
GAGAATCAATATATCTGTAAGTGGTTTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6283_L1_Tile_rc|1
AGCAAGAGAATCAATATATCTGTAAGTGGTTTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6303_L1_Tile_rc|1
TCTGCTGTGGGACACATTGTAGCAAGAGAATCAATATATCTGTAAGTGGTTTCAATAGAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6343_L1_Tile_rc|1
AGACATTTTGTTCATATGGATCTTCTTTTCTTAGGAGGCTCTGCTGTGGGACACATTGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6383_L1_Tile_rc|1
ATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAAATCAACCACCCAAAAAGACATTTTGTTCATATGGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6388_L1_Tile_rc|1
CCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAAATCAACCACCCAAAAAGACATTTTGTTCATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6393_L1_Tile_rc|1
TAGGCCCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAAATCAACCACCCAAAAAGACATTTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6398_L1_Tile_rc|1
GAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAAATCAACCACCCAAAAAGACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6403_L1_Tile_rc|1
ACCAAGAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAAATCAACCACCCAAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6413_L1_Tile_rc|1
AAAAGCGCCTACCAAGAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAAATCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6418_L1_Tile_rc|1
ATGTAAAAAGCGCCTACCAAGAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6423_L1_Tile_rc|1
GTTTGTATGTAAAAAGCGCCTACCAAGAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6433_L1_Tile_rc|1
GGCAGACCTGTTTGTATGTAAAAAGCGCCTACCAAGAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6453_L1_Tile_rc|1
TTTAGGGGGCGCGCAGGCCGGGCAGACCCTGTTTGTATGTAAAAAGCGCCTACCAAGAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6458_L1_Tile_rc|1
GTCGCTTTAGGGGGCGCGCAGGCCGGGCAGACCCTGTTTGTATGTAAAAAGCGCCTACCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6468_L1_Tile_rc|1
GAAGGACGGGGTCGCTTTAGGGGGCGCGCAGGCCGGGCAGACCCTGTTTGTATGTAAAAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6473_L1_Tile_rc|1
GCGTAGAAGGACGGGGTCGCTTTAGGGGGCGCGCAGGCCGGGCAGACCCTGTTTGTATGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6518_L1_Tile_rc|1
CTTGCCCTGCGTCGGCGTTTGAAGACCTGGAGGTAGGCCTGGTAGGCGTAGAAGGACGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6523_L1_Tile_rc|1
TTAAACTTGCCCTGCGTCGGCGTTTGAAGACCTGGAGGTAGGCCTGGTAGGCGTAGAAGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5359_L1_Tile_rc|1
AGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGAAGTTCAATATGCTCTGCACCTGCAATAGGACTAAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5364_L1_Tile_rc|1
GCAGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGAAGTTCAATATGCTCTGCACCTGCAATAGGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5379_L1_Tile_rc|1
AAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGAAGTTCAATATGCTCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5384_L1_Tile_rc|1
CATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGAAGTTCAATAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5389_L1_Tile_rc|1
AATATCATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGAAGTTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5394_L1_Tile_rc|1
GCATAAATATCATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5399_L1_Tile_rc|1
TATCAGCATAAATATCATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5404_L1_Tile_rc|1
GCCATTATCAGCATAAATATCATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAAGGCTG

>HPV102_Alpha_71726718_nt5409_L1_Tile_rc|1
AAGTGGCCATTATCAGCATAAAATATCATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5414_L1_Tile_rc|1
AGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATAAAATATCATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5419_L1_Tile_rc|1
CAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATAAAATATCATATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5429_L1_Tile_rc|1
GTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATAAAATATCATATAAGGAGTCCC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5434_L1_Tile_rc|1
AACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATAAAATATCATATAAGGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5444_L1_Tile_rc|1
AAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATAAAATAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5449_L1_Tile_rc|1
GGAAGAAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5454_L1_Tile_rc|1
GACGTGGAAGAAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5474_L1_Tile_rc|1
TTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAGAAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5484_L1_Tile_rc|1
GCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAGAAGTATATGAAACATGTGGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5489_L1_Tile_rc|1
ATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAGAAGTATATGAAACAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5504_L1_Tile_rc|1
GCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5509_L1_Tile_rc|1
ATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5514_L1_Tile_rc|1
TTGTCATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5529_L1_Tile_rc|1
AGTGGTACTGTGACATTGTCATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5534_L1_Tile_rc|1
AAGAGAGTGGTACTGTGACATTGTCATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5539_L1_Tile_rc|1
CCCAGAAGAGAGTGGTACTGTGACATTGTCATACCGCGCAGAGACCACAGATGTAGCTGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5544_L1_Tile_rc|1
TCAAACCCAGAAGAGAGTGGTACTGTGACATTGTCATACCGCGCAGAGACCACAGATGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5549_L1_Tile_rc|1
GCAAATCAAACCCAGAAGAGAGTGGTACTGTGACATTGTCATACCGCGCAGAGACCACAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5554_L1_Tile_rc|1
TGCAGGCAAATCAAACCCAGAAGAGAGTGGTACTGTGACATTGTCATACCGCGCAGAGAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5564_L1_Tile_rc|1
GGCCTGTATATGCAGGCAAATCAAACCCAGAAGAGAGTGGTACTGTGACATTGTCATACC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5574_L1_Tile_rc|1
GGAATGTCAGGGCCTGTATATGCAGGCAAATCAAACCCAGAAGAGAGTGGTACTGTGACA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5579_L1_Tile_rc|1
CAATTGGAATGTCAGGGCCTGTATATGCAGGCAAATCAAACCCAGAAGAGAGTGGTACTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5584_L1_Tile_rc|1
AGTGGCAATTGGAATGTCAGGGCCTGTATATGCAGGCAAATCAAACCCAGAAGAGAGTGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5589_L1_Tile_rc|1
GTAGGAGTGGCAATTGGAATGTCAGGGCCTGTATATGCAGGCAAATCAAACCCAGAAGAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5594_L1_Tile_rc|1
TGGTAGTAGGAGTGGCAATTGGAATGTCAGGGCCTGTATATGCAGGCAAATCAAACCCAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5619_L1_Tile_rc|1
GAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTAGTAGGAGTGGCAATTGGAATGTCAGGGCCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5624_L1_Tile_rc|1

CATTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTAGTAGGAGTGGCAATTGGAATGTCAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5629_L1_Tile_rc|1
AGGAACATTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTAGTAGGAGTGGCAATTGGAAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5639_L1_Tile_rc|1
CAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTAGTAGGAGTGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5644_L1_Tile_rc|1
AAACACAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTAGTAGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5649_L1_Tile_rc|1
TCCACAAACACAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5669_L1_Tile_rc|1
ATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGACTGGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5679_L1_Tile_rc|1
TAATTAGGCAATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAACATTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5684_L1_Tile_rc|1
ATAAGTAATTAGGCAATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5694_L1_Tile_rc|1
TTAGGAAAGAATAAGTAATTAGGCAATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6219_L1_Tile_rc|1
TAGGGGGTTTACACCCAATAATAAGTAGTTGGGTTTGTGTTGTAATCTACAGAAACATTGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6224_L1_Tile_rc|1
CCCAATAGGGGTTTACACCCAATAATAAGTAGTTGGGTTTGTGTTGTAATCTACAGAAAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt6559_L1_Tile_rc|1
GGTATGTAATAGGAGGCAGGGAGTTTCCTCGCCCATGGTTCCATGTCTGTAAAGAAATGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt6579_L1_Tile_rc|1
TATTATTTCCAGAGGTGCCAGGTATGTAATAGGAGGCAGGGAGTTCTCGCCCATGGTTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt6584_L1_Tile_rc|1
TTGTCTATTATTTCCAGAGGTGCCAGGTATGTAATAGGAGGCAGGGAGTTCTCGCCCAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6589_L1_Tile_rc|1
GGAGTTTGTCTATTATTTCCAGAGGTGCCAGGTATGTAATAGGAGGCAGGGAGTTCTCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt6604_L1_Tile_rc|1
TATACATAACTGGTAGGAGTTTGTCTATTATTTCCAGAGGTGCCAGGTATGTAATAGGAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt6609_L1_Tile_rc|1
GGGCATATACATAACTGGTAGGAGTTTGTCTATTATTTCCAGAGGTGCCAGGTATGTAAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt7109_L1_Tile_rc|1
CAGATCCATAGACAGTTTGTCTTTGAGATCCACCTCCCAAAAAGCAAGGCCATCATATGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt7114_L1_Tile_rc|1
TGATCCAGATCCATAGACAGTTTGTCTTTGAGATCCACCTCCCAAAAAGCAAGGCCATCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4981_L1_Tile_rc|1
GTTTCCACAACGTATTCATCAGTAGGCAGTATTTTAGCCACTGGCTGAGAAGGTGGTAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4986_L1_Tile_rc|1
TAGACGTTTCCACAACGTATTCATCAGTAGGCAGTATTTTAGCCACTGGCTGAGAAGGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4991_L1_Tile_rc|1
GAAAATAGACGTTTCCACAACGTATTCATCAGTAGGCAGTATTTTAGCCACTGGCTGAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4996_L1_Tile_rc|1
TGGAAGAAAATAGACGTTTCCACAACGTATTCATCAGTAGGCAGTATTTTAGCCACTGGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5016_L1_Tile_rc|1
GCAGGCGGTCGCTGGAGGCATGGAAGAAAATAGACGTTTCCACAACGTATTCATCAGTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5021_L1_Tile_rc|1
AGTAAGCAGGCGGTCGCTGGAGGCATGGAAGAAAATAGACGTTTCCACAACGTATTCATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5031_L1_Tile_rc|1
GGTGTCTACAGTAAGCAGGCGGTCGCTGGAGGCATGGAAGAAAATAGACGTTTCCACAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5076_L1_Tile_rc|1
GTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAATTGGAAAATATGGGTGTCCTACAGTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5081_L1_Tile_rc|1
CTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAATTGGAAAATATGGGTGTCCTAC

>HPV103_Unclassified_109390382_nt5086_L1_Tile_rc|1
GATACCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAATTGGAAAATATGGGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5091_L1_Tile_rc|1
TACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAATTGGAAAATATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5096_L1_Tile_rc|1
TTGATTACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAATTGGAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5101_L1_Tile_rc|1
CTGAATTGATTACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5106_L1_Tile_rc|1
AGGCCCTGAATTGATTACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5116_L1_Tile_rc|1
AGGATGTGAAAGGCCCTGAATTGATTACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5121_L1_Tile_rc|1
GTAAAAGGATGTGAAAGGCCCTGAATTGATTACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5141_L1_Tile_rc|1
TGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAAAGGATGTGAAAGGCCCTGAATTGATTACCAGATAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5146_L1_Tile_rc|1
ACAAGTGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAAAGGATGTGAAAGGCCCTGAATTGATTACCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5151_L1_Tile_rc|1
AATCCACAAGTGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAAAGGATGTGAAAGGCCCTGAATTGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5161_L1_Tile_rc|1
TATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAAAGGATGTGAAAGGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5166_L1_Tile_rc|1
CATTATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAAAGGATGTGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5171_L1_Tile_rc|1
CTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAAAGGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5176_L1_Tile_rc|1
TCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5181_L1_Tile_rc|1
GCCGTTCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACTTGTTAGGATCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5186_L1_Tile_rc|1
AACAAGCCGTTCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACTTGTTAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5191_L1_Tile_rc|1
TTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5201_L1_Tile_rc|1
ACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5206_L1_Tile_rc|1
TCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5216_L1_Tile_rc|1
ACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGGCATTATATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5221_L1_Tile_rc|1
CCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGGCATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5226_L1_Tile_rc|1
GGGGTCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5231_L1_Tile_rc|1
GCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5236_L1_Tile_rc|1
CCAACGCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5241_L1_Tile_rc|1
AAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5246_L1_Tile_rc|1
TCCAGAAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5251_L1_Tile_rc|1
GGGTGTCCAGAAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5261_L1_Tile_rc|1

ATTAAATAAAGGGTGTCCAGAAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5271_L1_Tile_rc|1
CCTTAAGTTTATTAAATAAAGGGTGTCCAGAAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACCACGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5276_L1_Tile_rc|1
AGTATCCTTAAGTTTATTAAATAAAGGGTGTCCAGAAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5281_L1_Tile_rc|1
TTTTCAGTATCCTTAAGTTTATTAAATAAAGGGTGTCCAGAAGAGCCAACGCTAAGGGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5301_L1_Tile_rc|1
TTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTAAGTTTATTAAATAAAGGGTGTCCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5306_L1_Tile_rc|1
TCCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTAAGTTTATTAAATAAAGGGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5311_L1_Tile_rc|1
TCCTTTCCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTAAGTTTATTAAATAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5316_L1_Tile_rc|1
TGTTTTCTTCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTAAGTTTATTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5321_L1_Tile_rc|1
TTGTCTGTTTCTTCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTAAGTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5326_L1_Tile_rc|1
ACACTTGTCTGTTTCTTCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5331_L1_Tile_rc|1
TAGAGACACTTGTCTGTTTTCTTCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5336_L1_Tile_rc|1
GTCCATAGAGACACTTGTCTGTTTTCTTCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5341_L1_Tile_rc|1
TTTGGGTCCATAGAGACACTTGTCTGTTTTCTTCTGTTTTAACATAACTATTAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5346_L1_Tile_rc|1
TTTGCTTTGGGTCCATAGAGACACTTGTCTGTTTTCTTCTGTTTTAACATAACTAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5356_L1_Tile_rc|1
AATAGCTGAGTTTGCTTTGGGTCCATAGAGACACTTGTCTGTTTTCTTCTGTTTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5361_L1_Tile_rc|1
CTACAAATAGCTGAGTTTGCTTTGGGTCCATAGAGACACTTGTCTGTTTTCTTCTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5366_L1_Tile_rc|1
GCCTACTACAAATAGCTGAGTTTGCTTTGGGTCCATAGAGACACTTGTCTGTTTTCTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5406_L1_Tile_rc|1
GCTTTGCAGCATCCCAATGCTCCCCCAAACAAGGAGTACAGCCTACTACAAATAGCTGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5451_L1_Tile_rc|1
CTAAAGGAGGACATGCACCCATATCCTGCCTAGCATCTGCACATGGCTTTGCAGCATCCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5466_L1_Tile_rc|1
TGGAACATAACAAGCTCTAAAGGAGGACATGCACCCATATCCTGCCTAGCATCTGCACATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5471_L1_Tile_rc|1
AATAATGGAACATAACAAGCTCTAAAGGAGGACATGCACCCATATCCTGCCTAGCATCTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5566_L1_Tile_rc|1
GAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAATGGTCCTCCTGCAATGTAGCAAAATTCATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5571_L1_Tile_rc|1
ATTTAGAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAATGGTCCTCCTGCAATGTAGCAAAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5576_L1_Tile_rc|1
TTTACATTTAGAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAATGGTCCTCCTGCAATGTAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5581_L1_Tile_rc|1
GGCCATTTACATTTAGAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAATGGTCCTCCTGCAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5586_L1_Tile_rc|1
AATCAGGCCATTTACATTTAGAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAATGGTCCTCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5591_L1_Tile_rc|1
AAGAAAATCAGGCCATTTACATTTAGAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAATGGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5596_L1_Tile_rc|1
ATTCTAAGAAAATCAGGCCATTTACATTTAGAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAA

>HPV103_Unclassified_109390382_nt5631_L1_Tile_rc|1
AGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCATTTGCCATTCTAAGAAAATCAGGCCATTTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5636_L1_Tile_rc|1
TCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCATTTGCCATTCTAAGAAAATCAGGCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5646_L1_Tile_rc|1
GCTCACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCATTTGCCATTCTAAGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5651_L1_Tile_rc|1
CAACTGCTCACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCATTTGCCATTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5656_L1_Tile_rc|1
GCATACAACTGCTCACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCATTTGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5661_L1_Tile_rc|1
GGCGAGCATACAACTGCTCACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5671_L1_Tile_rc|1
GCAAAAAAGTGGCGAGCATACAACTGCTCACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5676_L1_Tile_rc|1
CCCTAGCAAAAAAGTGGCGAGCATACAACTGCTCACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5696_L1_Tile_rc|1
ACTGTGCGCCCATGACACCATCCCTAGCAAAAAAGTGGCGAGCATACAACTGCTCACGTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5701_L1_Tile_rc|1
GGTATACTGTCGCCCATGACACCATCCCTAGCAAAAAAGTGGCGAGCATACAACTGCTCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5716_L1_Tile_rc|1
TCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGACACCATCCCTAGCAAAAAAGTGGCGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5721_L1_Tile_rc|1
CACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGACACCATCCCTAGCAAAAAAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5726_L1_Tile_rc|1
CTTAACACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGACACCATCCCTAGCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5731_L1_Tile_rc|1
GTGTGCTTAACACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGACACCATCCCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5741_L1_Tile_rc|1
TAAATATAGGTGTGCTTAACACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5746_L1_Tile_rc|1
CCCTGTAAATATAGGTGTGCTTAACACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5766_L1_Tile_rc|1
TTTGGTCTTTGTGTCAGACGCCCCCTGTAAATATAGGTGTGCTTAACACCCTCAAATTCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5771_L1_Tile_rc|1
TGTATTTTGGTCTTTGTGTCAGACGCCCCCTGTAAATATAGGTGTGCTTAACACCCTCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5781_L1_Tile_rc|1
ACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTTGTGTCAGACGCCCCCTGTAAATATAGGTGTGCTTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5786_L1_Tile_rc|1
AACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTTGTGTCAGACGCCCCCTGTAAATATAGGTGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5791_L1_Tile_rc|1
TAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTTGTGTCAGACGCCCCCTGTAAATATAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5811_L1_Tile_rc|1
GTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTTGTGTCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5816_L1_Tile_rc|1
AACCAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5821_L1_Tile_rc|1
CTAGAAACAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5826_L1_Tile_rc|1
AATCACTAGAAACAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5836_L1_Tile_rc|1
AACAACCTGAGAATCACTAGAAACAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5841_L1_Tile_rc|1
TGCCAAACAACCTGAGAATCACTAGAAACAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5866_L1_Tile_rc|1

TGAGCCTTTTGTATCCAGTATGGTCTGCCAAACAACCTGAGAATCACTAGAAACCAGTGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5886_L1_Tile_rc|1
ACACACTATTATTAGGGCCCTGAGCCTTTTGTATCCAGTATGGTCTGCCAAACAACCTGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5896_L1_Tile_rc|1
TTTCTCCAACACACACTATTATTAGGGCCCTGAGCCTTTTGTATCCAGTATGGTCTGCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5901_L1_Tile_rc|1
AATTATTTCTCCAACACACACTATTATTAGGGCCCTGAGCCTTTTGTATCCAGTATGGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5941_L1_Tile_rc|1
AAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAATGTAATAAATAAATTATTTCTCCAACACACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5946_L1_Tile_rc|1
TTGTAAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAATGTAATAAATAAATTATTTCTCCAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5951_L1_Tile_rc|1
ATTTATTGTAAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAATGTAATAAATAAATTATTTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5956_L1_Tile_rc|1
TTAACATTTATTGTAAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAATGTAATAAATAAATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5961_L1_Tile_rc|1
CTGACTTAACATTTATTGTAAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAATGTAATAAATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5966_L1_Tile_rc|1
AGCGTCTGACTTAACATTTATTGTAAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAATGTAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5971_L1_Tile_rc|1
ACGCCAGCGTCTGACTTAACATTTATTGTAAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5976_L1_Tile_rc|1
GTGCAACGCCAGCGTCTGACTTAACATTTATTGTAAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5986_L1_Tile_rc|1
GCATATTGCTGTGCAACGCCAGCGTCTGACTTAACATTTATTGTAAAATTTACATTGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5991_L1_Tile_rc|1
TGGCAGCATATTGCTGTGCAACGCCAGCGTCTGACTTAACATTTATTGTAAAATTTACAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6016_L1_Tile_rc|1
TGTCGCAGATAATGTTTATAGCTGGTGGCAGCATATTGCTGTGCAACGCCAGCGTCTGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6026_L1_Tile_rc|1
TTCCTCTACATGTGCGAGATAATGTTTATAGCTGGTGGCAGCATATTGCTGTGCAACGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6031_L1_Tile_rc|1
TCAAATTCCTCTACATGTGCGAGATAATGTTTATAGCTGGTGGCAGCATATTGCTGTGCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6051_L1_Tile_rc|1
ATTGCAATATAAGAGCAATCTCAAATTCCTCTACATGTGCGAGATAATGTTTATAGCTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6056_L1_Tile_rc|1
GCATAATTGCAATATAAGAGCAATCTCAAATTCCTCTACATGTGCGAGATAATGTTTATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6061_L1_Tile_rc|1
ACCTTGCAATAATTGCAATATAAGAGCAATCTCAAATTCCTCTACATGTGCGAGATAATGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6071_L1_Tile_rc|1
TGTGAGAGGAACCTTGCAATAATTGCAATATAAGAGCAATCTCAAATTCCTCTACATGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6081_L1_Tile_rc|1
ATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCAATAATTGCAATATAAGAGCAATCTCAAATTCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6086_L1_Tile_rc|1
GGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCAATAATTGCAATATAAGAGCAATCTCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6091_L1_Tile_rc|1
ATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCAATAATTGCAATATAAGAGCAATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6096_L1_Tile_rc|1
CATGTATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCAATAATTGCAATATAAGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6101_L1_Tile_rc|1
CATTACATGTATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCAATAATTGCAATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6106_L1_Tile_rc|1
GGATCCATTACATGTATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCAATAATTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6116_L1_Tile_rc|1
AATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTT

>HPV103_Unclassified_109390382_nt6121_L1_Tile_rc|1
TCCTCAATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6131_L1_Tile_rc|1
TAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATGGGCTAATACATCAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6136_L1_Tile_rc|1
AACCCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATGGGCTAATACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6141_L1_Tile_rc|1
GTACAAACCCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATGGGCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6146_L1_Tile_rc|1
CGGTGGTACAAACCCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6156_L1_Tile_rc|1
AAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGATCCATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6161_L1_Tile_rc|1
AATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6166_L1_Tile_rc|1
TCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6171_L1_Tile_rc|1
ATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCCTAGCTGCCAGTCCTCAATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6176_L1_Tile_rc|1
TCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCCTAGCTGCCAGTCCTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6181_L1_Tile_rc|1
AAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCCTAGCTGCCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6186_L1_Tile_rc|1
ATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCCTAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6201_L1_Tile_rc|1
AGCGTGTGGCTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6211_L1_Tile_rc|1
GCAGCAGGGCAGCGTGTGGCTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6216_L1_Tile_rc|1
GTTCTGCAGCAGGGCAGCGTGTGGCTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6226_L1_Tile_rc|1
TCCTTGGGAGGTTCTGCAGCAGGGCAGCGTGTGGCTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6241_L1_Tile_rc|1
TATGGGTCTGTTTTCTTGGGAGGTTCTGCAGCAGGGCAGCGTGTGGCTAAAGATGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6246_L1_Tile_rc|1
TATCATATGGGTCTGTTTTCTTGGGAGGTTCTGCAGCAGGGCAGCGTGTGGCTAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6346_L1_Tile_rc|1
GAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAAAATCTGCGACCCAAAGGATATCTGTCAAGATCAGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6351_L1_Tile_rc|1
AAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAAAATCTGCGACCCAAAGGATATCTGTCAAGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6356_L1_Tile_rc|1
GGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAAAATCTGCGACCCAAAGGATATCTGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6361_L1_Tile_rc|1
GAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAAAATCTGCGACCCAAAGGATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6366_L1_Tile_rc|1
TTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAAAATCTGCGACCCAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6376_L1_Tile_rc|1
CGAGACCGCTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAAAATCTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6381_L1_Tile_rc|1
CTACACGAGACCGCTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6386_L1_Tile_rc|1
GGTCTCTACACGAGACCGCTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6391_L1_Tile_rc|1
GTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6396_L1_Tile_rc|1

GGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6401_L1_Tile_rc|1
TACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6406_L1_Tile_rc|1
GACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCTAGAGGAGGTAGAAGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6411_L1_Tile_rc|1
TAGCAGACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCTAGAGGAGGTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6416_L1_Tile_rc|1
TTTTTTTAGCAGACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCTAGAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6421_L1_Tile_rc|1
CTACGTTTTTTTAGCAGACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6426_L1_Tile_rc|1
CCCGTCTACGTTTTTTTAGCAGACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6431_L1_Tile_rc|1
AACCCCCCTCTACGTTTTTTTAGCAGACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6434_L1_Tile_rc|1
TTAAACCCCCCTCTACGTTTTTTTAGCAGACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5675_L1_Tile_rc|1
ATGAGGGCAATAAATAATATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCGCCTGTGGGGTGACCAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5685_L1_Tile_rc|1
AGCAACACATATGAGGGCAATAAATAATATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCGCCTGTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5895_L1_Tile_rc|1
GTCCACTTTGCTTTTTGATAGGATAATATGGATGACCTACGGTCAGCAATCGGGAACCTGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5900_L1_Tile_rc|1
GTTCCGTCCACTTTGCTTTTTGATAGGATAATATGGATGACCTACGGTCAGCAATCGGGA
>HPV106_Alpha_71726710_nt5905_L1_Tile_rc|1
ATAGGGTTCCGTCCACTTTGCTTTTTGATAGGATAATATGGATGACCTACGGTCAGCAAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6270_L1_Tile_rc|1
CAGTGACATTGGAGGTATTGCATGGAGTGCCTTTTGCCAGTGTTCCGCCAATGGCGGTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6275_L1_Tile_rc|1
CCCTGCAGTGACATTGGAGGTATTGCATGGAGTGCCTTTTGCCAGTGTTCCGCCAATGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6555_L1_Tile_rc|1
GTAAAAACCTTCCGGAACATCCTCCCCCATGGTACCGGCCCTGTTGTAAAAATGCCTAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6560_L1_Tile_rc|1
CTTTAGTAAAAACCTTCCGGAACATCCTCCCCCATGGTACCGGCCCTGTTGTAAAAATG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6565_L1_Tile_rc|1
GGCCCCCTTTAGTAAAAACCTTCCGGAACATCCTCCCCCATGGTACCGGCCCTGTTGTAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6570_L1_Tile_rc|1
TAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCTTCCGGAACATCCTCCCCCATGGTACCGGCCCTGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6575_L1_Tile_rc|1
TGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCTTCCGGAACATCCTCCCCCATGGTACCGGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6580_L1_Tile_rc|1
CGGGATGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCTTCCGGAACATCCTCCCCCATGGTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6590_L1_Tile_rc|1
AGCAGAGGCGCGGATGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCTTCCGGAACATCCTC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6595_L1_Tile_rc|1
CTTGTAGCAGAGGCGCGGATGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCTTCCGGAACA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6605_L1_Tile_rc|1
ATATAGTGAGCTTGTAGCAGAGGCGCGGATGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6610_L1_Tile_rc|1
GACCCATATAGTGAGCTTGTAGCAGAGGCGCGGATGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt6995_L1_Tile_rc|1
CTGTAAAAACCTATAGGTATCGCCAAGACTGGCGGTAGGGGGGGGCAACGACCCAAAATT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7070_L1_Tile_rc|1
AAACGTAAAGCCCATCGTAAGGGTCCTTTTTCTTTGCAGGCGCCGCGGAGGGCTTTTGACA

>HPV106_Alpha_71726710_nt7130_L1_Tile_rc|1
CCTACCCAAGGGAACTGGTCAAGCTCAAGGGAAAAGCGCTCTGATAAATCCACATCCCA
>HPV106_Alpha_71726710_nt7240_L1_Tile_rc|1
GAACGCTTGGACCGTTTACGCTTTGTGGCTGGTGGGGTGGACGATGGTGCAGGACGCTTA
>HPV107_Beta_126131393_nt5829_L1_Tile_rc|1
TATTGGTCCGCTCCACGTACTCATCGGTACTTAGCACCCGTGCCACCGGAGTTGATGGTG
>HPV107_Beta_126131393_nt5834_L1_Tile_rc|1
AAATATATTGGTCCGCTCCACGTACTCATCGGTACTTAGCACCCGTGCCACCGGAGTTGA
>HPV107_Beta_126131393_nt5839_L1_Tile_rc|1
TGATAAAATATATTGGTCCGCTCCACGTACTCATCGGTACTTAGCACCCGTGCCACCGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt5849_L1_Tile_rc|1
ACTAGTGGCGTGATAAAATATATTGGTCCGCTCCACGTACTCATCGGTACTTAGCACCCG
>HPV107_Beta_126131393_nt5854_L1_Tile_rc|1
CTGTCACTAGTGGCGTGATAAAATATATTGGTCCGCTCCACGTACTCATCGGTACTTAGC
>HPV107_Beta_126131393_nt5859_L1_Tile_rc|1
ATAATCTGTCACTAGTGGCGTGATAAAATATATTGGTCCGCTCCACGTACTCATCGGTAC
>HPV107_Beta_126131393_nt5864_L1_Tile_rc|1
TGTTAATAATCTGTCACTAGTGGCGTGATAAAATATATTGGTCCGCTCCACGTACTCATC
>HPV107_Beta_126131393_nt6154_L1_Tile_rc|1
TCTGTTGAAGTGTGTTTGTAGCTATTTGTATTTTCAGTGTCTTTACCTTATTGAACAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6159_L1_Tile_rc|1
TATCATCTGTTGAAGTGTGTTTGTAGCTATTTGTATTTTCAGTGTCTTTACCTTATTGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6164_L1_Tile_rc|1
TTGTCTATCATCTGTTGAAGTGTGTTTGTAGCTATTTGTATTTTCAGTGTCTTTACCTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6274_L1_Tile_rc|1
TGTTGGTCACCAGCATCATCGCATGGCAGTGCCCTATCCCAATATTCCCCTAAACATGGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6284_L1_Tile_rc|1
ACATTTACCTTGTTGGTCACCAGCATCATCGCATGGCAGTGCCCTATCCCAATATTCCCC
>HPV107_Beta_126131393_nt6294_L1_Tile_rc|1
CAATGGGCGGACATTTACCTTGTTGGTCACCAGCATCATCGCATGGCAGTGCCCTATCCC
>HPV107_Beta_126131393_nt6299_L1_Tile_rc|1
TAATTC AATGGGCGGACATTTACCTTGTTGGTCACCAGCATCATCGCATGGCAGTGCCCT
>HPV107_Beta_126131393_nt6304_L1_Tile_rc|1
TTTTTTAATTC AATGGGCGGACATTTACCTTGTTGGTCACCAGCATCATCGCATGGCAGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6314_L1_Tile_rc|1
TATAAAAGAATTTTTTAATTC AATGGGCGGACATTTACCTTGTTGGTCACCAGCATCATC
>HPV107_Beta_126131393_nt6319_L1_Tile_rc|1
TCTTCTATAAAAGAATTTTTTAATTC AATGGGCGGACATTTACCTTGTTGGTCACCAGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6364_L1_Tile_rc|1
GTCTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATATCTATCATATCCCCATCTTCTATAAAAGAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6374_L1_Tile_rc|1
TACTGATAATGTCCTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATATCTATCATATCCCCATCTTC
>HPV107_Beta_126131393_nt6379_L1_Tile_rc|1
TTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATATCTATCATATCCCCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6384_L1_Tile_rc|1
CTGATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATATCTATCATAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6389_L1_Tile_rc|1
AACATCTGATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATATCTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6394_L1_Tile_rc|1
AAACTAACATCTGATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt6399_L1_Tile_rc|1
AATCTAAACTAACATCTGATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCCAAACC
>HPV107_Beta_126131393_nt6404_L1_Tile_rc|1
TACTAAATCTAAACTAACATCTGATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCC
>HPV107_Beta_126131393_nt6409_L1_Tile_rc|1

TCATTTACTAAATCTAAACTAACATCTGATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATA
>HPV107_Beta_126131393_nt6559_L1_Tile_rc|1
TTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCATCACCCACAGCTCCTCCTCTAGTGAAATAATGTCTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6564_L1_Tile_rc|1
CTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCATCACCCACAGCTCCTCCTCTAGTGAAATAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6579_L1_Tile_rc|1
TATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCATCACCCACAGCTCCTC
>HPV107_Beta_126131393_nt6584_L1_Tile_rc|1
TGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCATCACCCACAGC
>HPV107_Beta_126131393_nt6589_L1_Tile_rc|1
TTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCATCACCC
>HPV107_Beta_126131393_nt6594_L1_Tile_rc|1
CACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6599_L1_Tile_rc|1
TTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6609_L1_Tile_rc|1
GACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt6614_L1_Tile_rc|1
CAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6624_L1_Tile_rc|1
TAGAATTACCCAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6629_L1_Tile_rc|1
GTAAATAGAATTACCCAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6634_L1_Tile_rc|1
GGATAGTAAATAGAATTACCCAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6639_L1_Tile_rc|1
CGGTGGGATAGTAAATAGAATTACCCAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6654_L1_Tile_rc|1
CTAAGGAGCCACTAACGGTGGGATAGTAAATAGAATTACCCAAAGGACTTTGGGATTGTC
>HPV107_Beta_126131393_nt6659_L1_Tile_rc|1
AGAACTAAGGAGCCACTAACGGTGGGATAGTAAATAGAATTACCCAAAGGACTTTGGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt6664_L1_Tile_rc|1
TCAGAAGAACTAAGGAGCCACTAACGGTGGGATAGTAAATAGAATTACCCAAAGGACTT
>HPV107_Beta_126131393_nt6669_L1_Tile_rc|1
GTGCATCAGAAGAACTAAGGAGCCACTAACGGTGGGATAGTAAATAGAATTACCCAAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6699_L1_Tile_rc|1
GTTTCAACCAGAAGGTCTGTTAAAGAGCTGTGCATCAGAAGAACTAAGGAGCCACTAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6809_L1_Tile_rc|1
TCCATTTTGACTAGGCACACTTATAGTAAAATTGGTGTTCCTTGATTGTCTGCAACAGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6839_L1_Tile_rc|1
GATATTATTGGCATCATATTCTGTAAGGGGTCCATTTTGACTAGGCACACTTATAGTAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6844_L1_Tile_rc|1
TCCCTGATATTATTGGCATCATATTCTGTAAGGGGTCCATTTTGACTAGGCACACTTATA
>HPV107_Beta_126131393_nt6849_L1_Tile_rc|1
AAAATTCCCTGATATTATTGGCATCATATTCTGTAAGGGGTCCATTTTGACTAGGCACAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6854_L1_Tile_rc|1
CCTTAAAAATTCCCTGATATTATTGGCATCATATTCTGTAAGGGGTCCATTTTGACTAGG
>HPV107_Beta_126131393_nt6879_L1_Tile_rc|1
CAGATATTTGATATTCCTCAACATGCCTTAAAAATTCCCTGATATTATTGGCATCATATT
>HPV107_Beta_126131393_nt6884_L1_Tile_rc|1
TATTACAGATATTTGATATTCCTCAACATGCCTTAAAAATTCCCTGATATTATTGGCATC
>HPV107_Beta_126131393_nt6909_L1_Tile_rc|1
GTAAAGACACTTTACAAAGTTGCAGTATTACAGATATTTGATATTCCTCAACATGCCTTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6914_L1_Tile_rc|1
TGGTTGTAAAGACACTTTACAAAGTTGCAGTATTACAGATATTTGATATTCCTCAACATG

>HPV107_Beta_126131393_nt6919_L1_Tile_rc|1
ACATCTGGTTGTAAAGACACTTTACAAAGTTGCAGTATTACAGATATTTGATATTCCTCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6934_L1_Tile_rc|1
TTAATTTGGGCTAACACATCTGGTTGTAAAGACACTTTACAAAGTTGCAGTATTACAGAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6939_L1_Tile_rc|1
TAGCATTAATTTGGGCTAACACATCTGGTTGTAAAGACACTTTACAAAGTTGCAGTATTA
>HPV107_Beta_126131393_nt6944_L1_Tile_rc|1
ATTCATAGCATTAATTTGGGCTAACACATCTGGTTGTAAAGACACTTTACAAAGTTGCAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6954_L1_Tile_rc|1
AAATGCCTGAATTCATAGCATTAATTTGGGCTAACACATCTGGTTGTAAAGACACTTTAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6959_L1_Tile_rc|1
TTCCAAAATGCCTGAATTCATAGCATTAATTTGGGCTAACACATCTGGTTGTAAAGACAC
>HPV107_Beta_126131393_nt7124_L1_Tile_rc|1
TAATTTTTCTGTCATATCAACTCTCCAGAAAAAGTATTGAGCAAAAGGATCTTCCTTTTC
>HPV107_Beta_126131393_nt7184_L1_Tile_rc|1
AGGTAGTGTGTTTGGGAATAGGAATTTACGTCCTAAAGGATACTGATCTAAATCCAAAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt7194_L1_Tile_rc|1
TTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTGGGAATAGGAATTTACGTCCTAAAGGATACTGATCTA
>HPV107_Beta_126131393_nt7199_L1_Tile_rc|1
ACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTGGGAATAGGAATTTACGTCCTAAAGGATACTG
>HPV107_Beta_126131393_nt7209_L1_Tile_rc|1
TCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTGGGAATAGGAATTTACGTCCTA
>HPV107_Beta_126131393_nt7219_L1_Tile_rc|1
GATTTGGTGGTCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTGGGAATAGGAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt7224_L1_Tile_rc|1
CAACCGATTTGGTGGTCGGCGCTGCACGTTTTTCGAGAGGCAGGTAGTGTGTTTGGGAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt7253_L1_Tile_rc|1
TCAAGTACGTTTTCGTTTTGCTATGCTTTGCAACCGATTTGGTGGTCGGCGCTGCACGTTT
>HPV11_Alpha_333026_nt5892_L1_Tile_rc|1
TGGTACAACGTTTTTGTAACTTTTTTGATAGAGTAATATGGATGTCCACAGCAAGGAG
>HPV11_Alpha_333026_nt5897_L1_Tile_rc|1
ACCTTTGGTACAACGTTTTTGTAACTTTTTTGATAGAGTAATATGGATGTCCACAGCA
>HPV11_Alpha_333026_nt5902_L1_Tile_rc|2
CAGACACCTTTGGTACAACGTTTTTGTAACTTTTTTGATAGAGTAATATGGATGTCCCA
>HPV11_Alpha_333026_nt6002_L1_Tile_rc|2
CATACTAAACGCTGTGTAGTGGGGTCAAACAGGGATGAATCAGGTAATGCAAACCTTGTTA
>HPV11_Alpha_333026_nt6117_L1_Tile_rc|1
ATTACCACCATACCCACCACTATTTTCTACATCATATTTGTTTAGCAATGGATGCCC
>HPV11_Alpha_333026_nt6272_L1_Tile_rc|1
AGTTCCAACGGGGGGCAGTCACCATTTTGTACAGAGGTATTTGAACATTGTGTACCCTTA
>HPV11_Alpha_333026_nt6277_L1_Tile_rc|1
TAATAAGTTCCAACGGGGGGCAGTCACCATTTTGTACAGAGGTATTTGAACATTGTGTAC
>HPV11_Alpha_333026_nt6392_L1_Tile_rc|1
TTGCAGACAGTTCCACAAATATCAAGGGGAACATCCGATTTATTGGTTTGTAAGTCTGCA
>HPV11_Alpha_333026_nt6547_L1_Tile_rc|1
TATTACCCCTTTTACCAACAGGTCATCAGGCACAGGTTCCCCACAGTACCGGCCCTAT
>HPV11_Alpha_333026_nt6557_L1_Tile_rc|1
GATGATCTGTTATTACCCCTTTTACCAACAGGTCATCAGGCACAGGTTCCCCACAGTA
>HPV11_Alpha_333026_nt6572_L1_Tile_rc|1
ATACTACTAGCTACAGATGATCTGTTATTACCCCTTTTACCAACAGGTCATCAGGCACA
>HPV11_Alpha_333026_nt6577_L1_Tile_rc|1
CATAAATACTACTAGCTACAGATGATCTGTTATTACCCCTTTTACCAACAGGTCATCAG
>HPV11_Alpha_333026_nt6582_L1_Tile_rc|2
ATGTACATAAATACTACTAGCTACAGATGATCTGTTATTACCCCTTTTACCAACAGGTC
>HPV11_Alpha_333026_nt6592_L1_Tile_rc|1

CACTAGGTGTATGTACATAAATACTACTAGCTACAGATGATCTGTTATTACCCCTTTTA
>HPV11_Alpha_333026_nt6607_L1_Tile_rc|1
AAGACACCAATGAGCCACTAGGTGTATGTACATAAATACTACTAGCTACAGATGATCTGT
>HPV11_Alpha_333026_nt6622_L1_Tile_rc|2
ATAATTGAGCCTCTGAAGACACCAATGAGCCACTAGGTGTATGTACATAAATACTACTAG
>HPV11_Alpha_333026_nt6777_L1_Tile_rc|1
ATCTGAATTAGTGTATGTAGCAGATTTAGACACAGATGCACATAGTGTTCATATTTGTACT
>HPV11_Alpha_333026_nt6782_L1_Tile_rc|2
TTATAATCTGAATTAGTGTATGTAGCAGATTTAGACACAGATGCACATAGTGTTCATATTT
>HPV11_Alpha_333026_nt6787_L1_Tile_rc|1
ATTCTTATAATCTGAATTAGTGTATGTAGCAGATTTAGACACAGATGCACATAGTGTCA
>HPV11_Alpha_333026_nt6792_L1_Tile_rc|1
CATGTATTCCCTTATAATCTGAATTAGTGTATGTAGCAGATTTAGACACAGATGCACATAG
>HPV11_Alpha_333026_nt6797_L1_Tile_rc|1
TGGCGCATGTATTCCTTATAATCTGAATTAGTGTATGTAGCAGATTTAGACACAGATGCA
>HPV11_Alpha_333026_nt7142_L1_Tile_rc|2
CGAGCAGACGTCCTCGATATCCACTTTGCAATAAAAACTTACGTCCAAGGGGAAAC
>HPV11_Alpha_333026_nt7182_L1_Tile_rc|2
TGTAGAGGGCTTAGACACAGCTGGGCGCTTTATACCTGTACGAGCAGACGTCCTCG
>HPV11_Alpha_333026_nt7197_L1_Tile_rc|1
TTTTTCGTTTGGGGGCTGTAGAGGGCTTAGACACAGCTGGGCGCTTTATACCTGTACGAGC
>HPV11_Alpha_333026_nt7207_L1_Tile_rc|1
TTTTTGGTACGTTTTCGTTTGGGGGCTGTAGAGGGCTTAGACACAGCTGGGCGCTTTATAC
>HPV110_Beta_186461194_nt5847_L1_Tile_rc|1
TGCACCCGGAATGCTCTGTATTGATTTCTTGATACCTTAGGGACTTCTATTTTTGCGCCA
>HPV110_Beta_186461194_nt6062_L1_Tile_rc|2
ATGAAGTATTCTGCCTGTCATCAGTAGAGCCTGCTTGATAATTGCTAGAATTTTCAGTAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6167_L1_Tile_rc|1
CTAACTGATTACCTGCTTCTGATTCACAAACAGGAGCTTTGTCCCAATGCTCTCCCATAC
>HPV110_Beta_186461194_nt6172_L1_Tile_rc|1
TAAACCTAACTGATTACCTGCTTCTGATTCACAAACAGGAGCTTTGTCCCAATGCTCTCC
>HPV110_Beta_186461194_nt6482_L1_Tile_rc|2
GCTTTGCTGGCAAGAAATAGTTATGATTTTGATTCACTGCACCATCAGGTATTGCATCCC
>HPV110_Beta_186461194_nt6487_L1_Tile_rc|1
ATCTTGCTTTGCTGGCAAGAAATAGTTATGATTTTGATTCACTGCACCATCAGGTATTGC
>HPV110_Beta_186461194_nt6507_L1_Tile_rc|1
GCTAGTGTGCGTTGTTGTTGATCTTGCTTTGCTGGCAAGAAATAGTTATGATTTTGATT
>HPV110_Beta_186461194_nt6512_L1_Tile_rc|1
AGTTTGCTAGTGTGCGTTGTTGTTGATCTTGCTTTGCTGGCAAGAAATAGTTATGATTTT
>HPV110_Beta_186461194_nt6517_L1_Tile_rc|1
TGTAGAGTTTGCTAGTGTGCGTTGTTGTTGATCTTGCTTTGCTGGCAAGAAATAGTTATG
>HPV110_Beta_186461194_nt6532_L1_Tile_rc|1
TACTGTTGGAAAATATGTAGAGTTTGCTAGTGTGCGTTGTTGTTGATCTTGCTTTGCTGG
>HPV110_Beta_186461194_nt6537_L1_Tile_rc|1
CCACTTACTGTTGGAAAATATGTAGAGTTTGCTAGTGTGCGTTGTTGTTGATCTTGCTTT
>HPV110_Beta_186461194_nt6557_L1_Tile_rc|1
CATCTGAAGTAACTAGAGAACCCTTACTGTTGGAAAATATGTAGAGTTTGCTAGTGTGC
>HPV110_Beta_186461194_nt6697_L1_Tile_rc|1
AGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAAAAATTAGTATTACGAGTATTATCAGCAACAGTTAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6702_L1_Tile_rc|2
GCTCCAGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAAAAATTAGTATTACGAGTATTATCAGCAACA
>HPV110_Beta_186461194_nt6707_L1_Tile_rc|1
CAGTTGCTCCAGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAAAAATTAGTATTACGAGTATTATCAG
>HPV110_Beta_186461194_nt6712_L1_Tile_rc|1
GTATTCAGTTGCTCCAGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAAAAATTAGTATTACGAGTATT

>HPV110_Beta_186461194_nt6717_L1_Tile_rc|1
GAATTGTATTTCAGTTGCTCCAGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAAAAATTAGTATTACGA
>HPV110_Beta_186461194_nt6722_L1_Tile_rc|2
TTTGTGAATTGTATTTCAGTTGCTCCAGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAAAAATTAGTAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6727_L1_Tile_rc|1
TATATTTTGTGAATTGTATTTCAGTTGCTCCAGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAAAAATT
>HPV110_Beta_186461194_nt6732_L1_Tile_rc|1
TCTCTTATATTTTGTGAATTGTATTTCAGTTGCTCCAGCTTCTGTAGTAACACTAATTGAA
>HPV110_Beta_186461194_nt6742_L1_Tile_rc|2
TCTAAGAAATTCTCTTATATTTTGTGAATTGTATTTCAGTTGCTCCAGCTTCTGTAGTAAC
>HPV110_Beta_186461194_nt6752_L1_Tile_rc|1
CCTCTACATGTCTAAGAAATTCTCTTATATTTTGTGAATTGTATTTCAGTTGCTCCAGCTT
>HPV110_Beta_186461194_nt6772_L1_Tile_rc|1
TATTAAAGAAAGTTGATATTCCTCTACATGTCTAAGAAATTCTCTTATATTTTGTGAATT
>HPV110_Beta_186461194_nt6777_L1_Tile_rc|1
TGCAGTATTAAAGAAAGTTGATATTCCTCTACATGTCTAAGAAATTCTCTTATATTTTGT
>HPV110_Beta_186461194_nt6782_L1_Tile_rc|2
ATAATTGCAGTATTAAAGAAAGTTGATATTCCTCTACATGTCTAAGAAATTCTCTTATAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6792_L1_Tile_rc|1
GGTACCTTACATAATTGCAGTATTAAAGAAAGTTGATATTCCTCTACATGTCTAAGAAAT
>HPV110_Beta_186461194_nt6802_L1_Tile_rc|2
TGCTTTTAAAGGTACCTTACATAATTGCAGTATTAAAGAAAGTTGATATTCCTCTACATG
>HPV110_Beta_186461194_nt6807_L1_Tile_rc|1
ACCTCTGCTTTTAAAGGTACCTTACATAATTGCAGTATTAAAGAAAGTTGATATTCCTCT
>HPV110_Beta_186461194_nt6812_L1_Tile_rc|1
TTAAAACCTCTGCTTTTAAAGGTACCTTACATAATTGCAGTATTAAAGAAAGTTGATATT
>HPV110_Beta_186461194_nt6817_L1_Tile_rc|1
TTGTGTTAAACCTCTGCTTTTAAAGGTACCTTACATAATTGCAGTATTAAAGAAAGTTG
>HPV110_Beta_186461194_nt6822_L1_Tile_rc|2
TTAATTTGTGTTAAACCTCTGCTTTTAAAGGTACCTTACATAATTGCAGTATTAAAGAA
>HPV110_Beta_186461194_nt7107_L1_Tile_rc|1
ACCTTAACAGATGTCCTTACAGAGCGAGGTCGACTTTGTAAACCAGCCTGAAATAAAAAAT
>HPV110_Beta_186461194_nt7112_L1_Tile_rc|1
TAGAGACCTTAACAGATGTCCTTACAGAGCGAGGTCGACTTTGTAAACCAGCCTGAAATA
>HPV110_Beta_186461194_nt7117_L1_Tile_rc|1
ACCCTTAGAGACCTTAACAGATGTCCTTACAGAGCGAGGTCGACTTTGTAAACCAGCCTG
>HPV110_Beta_186461194_nt7127_L1_Tile_rc|1
TGCGTTTGGTACCCTTAGAGACCTTAACAGATGTCCTTACAGAGCGAGGTCGACTTTGTA
>HPV110_Beta_186461194_nt7137_L1_Tile_rc|1
CACGACCGTTTGCCTTGGTACCCTTAGAGACCTTAACAGATGTCCTTACAGAGCGAGGT
>HPV110_Beta_186461194_nt7138_L1_Tile_rc|1
TCACGACCGTTTGCCTTGGTACCCTTAGAGACCTTAACAGATGTCCTTACAGAGCGAGG
>HPV111_Beta_186461202_nt5988_L1_Tile_rc|1
TCTTGTGTCACAGCTTGATAATTACTGGAATTTTCAGTGTACGAACCTTATTAAATAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt5993_L1_Tile_rc|1
TATCATCTTGTGTCACAGCTTGATAATTACTGGAATTTTCAGTGTACGAACCTTATTAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6128_L1_Tile_rc|1
CAATTGGCGGGCATAAGCCTTGCTGGTTTCCTGCATCATCACAGGGTTTTGCTTTGTCCC
>HPV111_Beta_186461202_nt6133_L1_Tile_rc|1
TAATTCAATTGGCGGGCATAAGCCTTGCTGGTTTCCTGCATCATCACAGGGTTTTGCTTT
>HPV111_Beta_186461202_nt6138_L1_Tile_rc|1
TTCTTTAATTCAATTGGCGGGCATAAGCCTTGCTGGTTTCCTGCATCATCACAGGGTTTT
>HPV111_Beta_186461202_nt6148_L1_Tile_rc|1
TATTACAGAATTCCTTTAATTCAATTGGCGGGCATAAGCCTTGCTGGTTTCCTGCATCATC
>HPV111_Beta_186461202_nt6158_L1_Tile_rc|1

CTCCATCCTCTATTACAGAATTCTTTAATTCAATTGGCGGGCATAAGCCTTGCTGGTTTC
>HPV111_Beta_186461202_nt6168_L1_Tile_rc|1
TCAAACATGTCTCCATCCTCTATTACAGAATTCTTTAATTCAATTGGCGGGCATAAGCCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6288_L1_Tile_rc|1
TAGACGTCATTAGCCATAGTTAGGAAGTCAGGGTATTTACATACTTCATTGACAATATCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6293_L1_Tile_rc|1
CCCCATAGACGTCATTAGCCATAGTTAGGAAGTCAGGGTATTTACATACTTCATTGACAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6418_L1_Tile_rc|1
TGGCAGATAATAATTGTGATTTTGTGCTGCTGCATCTGGAATTGCATCTCCTACATT
>HPV111_Beta_186461202_nt6423_L1_Tile_rc|1
TGTGCTGGCAGATAATAATTGTGATTTTGTGCTGCTGCATCTGGAATTGCATCTCCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6433_L1_Tile_rc|1
TTGATTACCCTGTGCTGGCAGATAATAATTGTGATTTTGTGCTGCTGCATCTGGAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6448_L1_Tile_rc|1
CAAAATGTTTGTGTTGATTACCCTGTGCTGGCAGATAATAATTGTGATTTTGTGCTGCTGCATCTGGAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6453_L1_Tile_rc|1
TTACCCAAAATGTTTGTGTTGATTACCCTGTGCTGGCAGATAATAATTGTGATTTTGT
>HPV111_Beta_186461202_nt6458_L1_Tile_rc|1
TGGAGTTACCCAAAATGTTTGTGTTGATTACCCTGTGCTGGCAGATAATAATTGTGAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6463_L1_Tile_rc|1
ATAAATGGAGTTACCCAAAATGTTTGTGTTGATTACCCTGTGCTGGCAGATAATAATT
>HPV111_Beta_186461202_nt6468_L1_Tile_rc|1
GGATAATAAATGGAGTTACCCAAAATGTTTGTGTTGATTACCCTGTGCTGGCAGATAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6478_L1_Tile_rc|1
ACTAACAGTAGGATAATAAATGGAGTTACCCAAAATGTTTGTGTTGATTACCCTGTGCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6493_L1_Tile_rc|1
AGTAACAAGAGAACCCTAACAGTAGGATAATAAATGGAGTTACCCAAAATGTTTGTGTTG
>HPV111_Beta_186461202_nt6633_L1_Tile_rc|1
GTGGATACGCTTATAGTAAAATTAGTGTCTGCTGCTACTGTTATAAACATT
>HPV111_Beta_186461202_nt6638_L1_Tile_rc|1
CTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAAATTAGTGTCTGCTGCTACTGTTATAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6643_L1_Tile_rc|1
ATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAAATTAGTGTCTGCTGCTACTGTTATAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6648_L1_Tile_rc|1
TGTGCATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAAATTAGTGTCTGCTGCTACTGTTATAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6658_L1_Tile_rc|1
ATTATATTGCTGTGCATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAAATTAGTGTCTGCTGCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6663_L1_Tile_rc|1
CTAGCATTATATTGCTGTGCATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAAATTAGTGTCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6668_L1_Tile_rc|1
TATTACTAGCATTATATTGCTGTGCATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAAATTAG
>HPV111_Beta_186461202_nt6673_L1_Tile_rc|1
TCTAATATTACTAGCATTATATTGCTGTGCATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6678_L1_Tile_rc|1
TATTCTCTAATATTACTAGCATTATATTGCTGTGCATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATA
>HPV111_Beta_186461202_nt6748_L1_Tile_rc|1
TTCTGGAATAAAGAACTTTACATAGTTGAAGAATCAAAGACAATTGATATTCTTCTAC
>HPV111_Beta_186461202_nt6753_L1_Tile_rc|1
AAAACCTCTGGAATAAAGAACTTTACATAGTTGAAGAATCAAAGACAATTGATATTCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6763_L1_Tile_rc|1
GATTTGAGATAAACTTCTGGAATAAAGAACTTTACATAGTTGAAGAATCAAAGACAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6768_L1_Tile_rc|1
GCATTGATTTGAGATAAACTTCTGGAATAAAGAACTTTACATAGTTGAAGAATCAA
>HPV111_Beta_186461202_nt7053_L1_Tile_rc|1
GATTTACACAGACGAAGTTTTAAAGTCCGTTTTCTGTTTGTAAACCAGCCTGGAATAAA

>HPV111_Beta_186461202_nt7058_L1_Tile_rc|1
TAGTAGATTTACAGACGAAGGTTTTAAAGTCCGTTTTTCGTGTTTGTAACCAGCCTGGA
>HPV111_Beta_186461202_nt7063_L1_Tile_rc|1
AGATTTAGTAGATTTACAGACGAAGGTTTTAAAGTCCGTTTTTCGTGTTTGTAACCAGC
>HPV111_Beta_186461202_nt7068_L1_Tile_rc|1
TTTGCAGATTTAGTAGATTTACAGACGAAGGTTTTAAAGTCCGTTTTTCGTGTTTGTA
>HPV111_Beta_186461202_nt7083_L1_Tile_rc|1
TAGGTGCGTCTGCGTTTTGCAGATTTAGTAGATTTACAGACGAAGGTTTTAAAGTCCGT
>HPV111_Beta_186461202_nt7084_L1_Tile_rc|1
TTAGGTGCGTCTGCGTTTTGCAGATTTAGTAGATTTACAGACGAAGGTTTTAAAGTCCG
>HPV12_Beta_396910_nt6165_L1_Tile_rc|1
ATTTTGTTAAAAATAGGGATGTCCAGTACTTCCAACGCCTAAAGGCTGACCCCTACTTATT
>HPV12_Beta_396910_nt6205_L1_Tile_rc|1
ACTGCCTGTGGCATAGTTATTTGAGTTTTCCGTGTCTTTAATTTTGTTAAAAATAGGGATG
>HPV12_Beta_396910_nt6220_L1_Tile_rc|1
CTGTCTATCATCCTTACTGCCTGTGGCATAGTTATTTGAGTTTTCCGTGTCTTTAATTTT
>HPV12_Beta_396910_nt6235_L1_Tile_rc|1
ATCAAATGATGTGTTCTGTCTATCATCCTTACTGCCTGTGGCATAGTTATTTGAGTTTTT
>HPV12_Beta_396910_nt6330_L1_Tile_rc|1
TTTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAGGCTTTCTCCAGTGTTCTCCCACACAAGGT
>HPV12_Beta_396910_nt6335_L1_Tile_rc|1
CACCATTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAGGCTTTCTCCAGTGTTCTCCCACAC
>HPV12_Beta_396910_nt6340_L1_Tile_rc|1
GCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAGGCTTTCTCCAGTGTTCTCC
>HPV12_Beta_396910_nt6350_L1_Tile_rc|1
CTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAGGCTTTCTCCC
>HPV12_Beta_396910_nt6355_L1_Tile_rc|1
TAACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAGGCTTT
>HPV12_Beta_396910_nt6375_L1_Tile_rc|1
TCTTCAATGAAAGTGTTCTTTAACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTGGTGCA
>HPV12_Beta_396910_nt6380_L1_Tile_rc|1
CACCATCTTCAATGAAAGTGTTCTTTAACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTCAGCTG
>HPV12_Beta_396910_nt6895_L1_Tile_rc|1
ATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGTAAATAGATATACTGAAATTGGTGTT
>HPV12_Beta_396910_nt6900_L1_Tile_rc|1
TCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGTAAATAGATATACTGAAATTG
>HPV12_Beta_396910_nt6905_L1_Tile_rc|1
GAGAATCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGTAAATAGATATACTGA
>HPV12_Beta_396910_nt6910_L1_Tile_rc|1
TTTTTGAGAATCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGTAAATAGATAT
>HPV12_Beta_396910_nt6915_L1_Tile_rc|1
CTAAATTTTGGAGAATCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGTAAATA
>HPV12_Beta_396910_nt6920_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTAAATTTTGGAGAATCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGT
>HPV12_Beta_396910_nt6925_L1_Tile_rc|1
TAAATATTCTCTAAATTTTGGAGAATCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATC
>HPV12_Beta_396910_nt7075_L1_Tile_rc|1
AATAGGATTGTCAGGAGTTGGCACGAAGCCTAATTGCCAGTCCTCCAGCAAAGAAGAGTT
>HPV12_Beta_396910_nt7100_L1_Tile_rc|1
ATTCGATATATCTGTATGTGTCATGAATAGGATTGTCAGGAGTTGGCACGAAGCCTAATT
>HPV12_Beta_396910_nt7105_L1_Tile_rc|1
CAGAGATTCGATATATCTGTATGTGTCATGAATAGGATTGTCAGGAGTTGGCACGAAGCC
>HPV12_Beta_396910_nt7200_L1_Tile_rc|1
GAAAGTCTCTCAGTCATATCTACAGTCCAAAACTTAAGCCATCATAAGGGTCCGGCTTT
>HPV12_Beta_396910_nt7205_L1_Tile_rc|1

CTAAAGAAAGTCTCTCAGTCATATCTACAGTCCAAAACTTAAGCCATCATAAGGGTCCG
>HPV12_Beta_396910_nt7230_L1_Tile_rc|1
CGCCCTAAGGAATACTGATCCAGGTCTAAAGAAAGTCTCTCAGTCATATCTACAGTCCAA
>HPV12_Beta_396910_nt7260_L1_Tile_rc|1
TGTTGGAGGCCAGCCTGGAATAAGAACTTGCGCCCTAAGGAATACTGATCCAGGTCTAAA
>HPV12_Beta_396910_nt7325_L1_Tile_rc|1
TTCTTTTGGTCCCCCTTATGGAACCTTCTATAGCTTGATGATTTTGTGTACCGTTAACGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt5873_L1_Tile_rc|1
CAGATACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTGTTTCTTAATAGGAAAATAAGGATTTCCCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5878_L1_Tile_rc|1
ATAACCAGATACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTGTTTCTTAATAGGAAAATAAGGATT
>HPV13_Alpha_85827580_nt5883_L1_Tile_rc|1
AACTGATAACCAGATACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTGTTTCTTAATAGGAAAATAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5888_L1_Tile_rc|1
CCCTAAACTGATAACCAGATACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTGTTTCTTAATAGGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5893_L1_Tile_rc|1
AAATACCTTAACTGATAACCAGATACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTGTTTCTTAAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6253_L1_Tile_rc|1
ACTACTAATTAATCTAAAGGAGGGCAATCTCCAGGTTGTACATTTACACCAGTACATTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6503_L1_Tile_rc|1
CATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAGCCTGCCCTGTAAAGAAATGCCTTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6508_L1_Tile_rc|1
CTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAGCCTGCCCTGTAAAGAAATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6513_L1_Tile_rc|1
CTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAGCCTGCCCTGTAAAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6523_L1_Tile_rc|1
AAGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAGCCTGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6528_L1_Tile_rc|1
TTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6533_L1_Tile_rc|1
TACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6538_L1_Tile_rc|1
GTAAATACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6543_L1_Tile_rc|1
TTATAGTAAATACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6548_L1_Tile_rc|1
GAGTATTATAGTAAATACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6553_L1_Tile_rc|1
ACTGGGAGTATTATAGTAAATACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6558_L1_Tile_rc|1
GAGCCACTGGGAGTATTATAGTAAATACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAACATAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6563_L1_Tile_rc|1
CAAGAGAGCCACTGGGAGTATTATAGTAAATACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6743_L1_Tile_rc|1
CTGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGCTGCACACACAGTCATGTTAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6748_L1_Tile_rc|1
ATATTCTGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGCTGCACACACAGTCAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6753_L1_Tile_rc|1
TGTTTATATTCTGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGCTGCACACACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6763_L1_Tile_rc|1
TCGCATGTACTGTTTATATTCTGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6913_L1_Tile_rc|1
TTCCAATGTTCCATTAGGAGGGGAGATAGCCCAAAGTTCCAGTCTTCTAGAATTGTAGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6928_L1_Tile_rc|1
ATATCTATATGTGTCTTCCAATGTTCCATTAGGAGGGGAGATAGCCCAAAGTTCCAGTC

>HPV13_Alpha_85827580_nt6933_L1_Tile_rc|1
TGTACATATCTATATGTGTCTTCCAATGTTCCATTAGGAGGGGGAGATAGCCCCAAAGTTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6938_L1_Tile_rc|1
GAGATTGTACATATCTATATGTGTCTTCCAATGTTCCATTAGGAGGGGGAGATAGCCCCAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6943_L1_Tile_rc|1
GGCCTGAGATTGTACATATCTATATGTGTCTTCCAATGTTCCATTAGGAGGGGGAGATAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6953_L1_Tile_rc|1
GACACGTTATGGCCTGAGATTGTACATATCTATATGTGTCTTCCAATGTTCCATTAGGAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7003_L1_Tile_rc|1
ACTAAGACCCGCATACGGATCCTGTTTTTCTTTATCAGGTGTAGGCTTTTGACACGTTAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7133_L1_Tile_rc|1
ATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGACTGAACGCCTGTTTGTAAATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7138_L1_Tile_rc|1
TG TAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGACTGAACGCCTGTTTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7143_L1_Tile_rc|1
GTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGACTGAACGCCT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7153_L1_Tile_rc|1
AGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7163_L1_Tile_rc|1
TACGTGTAGTAGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7168_L1_Tile_rc|1
TTTTTTACGTGTAGTAGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7173_L1_Tile_rc|1
TTAGCTTTTTTTACGTGTAGTAGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7178_L1_Tile_rc|1
TCCTTTTAGCTTTTTTTACGTGTAGTAGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7183_L1_Tile_rc|1
TTATTTTCCTTTTAGCTTTTTTTACGTGTAGTAGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACG
>HPV14D_Beta_396918_nt5969_L1_Tile_rc|1
GAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGATTTTCTGTATCACCAACCTTATTAAATAAT
>HPV14D_Beta_396918_nt5974_L1_Tile_rc|1
CAGTGGAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGATTTTCTGTATCACCAACCTTATTAA
>HPV14D_Beta_396918_nt5979_L1_Tile_rc|1
GTCATCAGTGGAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGATTTTCTGTATCACCAACCTT
>HPV14D_Beta_396918_nt5984_L1_Tile_rc|1
TGTCTGTCATCAGTGGAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGATTTTCTGTATCACCA
>HPV14D_Beta_396918_nt5989_L1_Tile_rc|1
CATTTTGTCTGTCATCAGTGGAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGATTTTCTGTAT
>HPV14D_Beta_396918_nt5994_L1_Tile_rc|1
TGACACATTTTGTCTGTCATCAGTGGAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGATTTTC
>HPV14D_Beta_396918_nt5999_L1_Tile_rc|1
TCAAATGACACATTTTGTCTGTCATCAGTGGAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGA
>HPV14D_Beta_396918_nt6649_L1_Tile_rc|1
TGGATACCTCAGTGTTCCTGAACTAACTGATATACTAAAATTTGTGTTACGTGTGTTGT
>HPV14D_Beta_396918_nt6669_L1_Tile_rc|1
AGAGGTATAATTGTCAATTTTGGATACCTCAGTGTTCCTGAACTAACTGATATACTAAA
>HPV14D_Beta_396918_nt7099_L1_Tile_rc|1
AATTCTTGCCTTTTCGTTTAATACCCTTGATGGATCCCCTAGTCGAAACTGTTTTTGTAC
>HPV14D_Beta_396918_nt7101_L1_Tile_rc|1
CTAATTCTTGCCTTTTCGTTTAATACCCTTGATGGATCCCCTAGTCGAAACTGTTTTTGT
>HPV15_Beta_396924_nt6039_L1_Tile_rc|1
TTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAAGGATGGCCTGAAGTACCAACTCCTAATGGT
>HPV15_Beta_396924_nt6044_L1_Tile_rc|1
TGTTATTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAAGGATGGCCTGAAGTACCAACTCCTA
>HPV15_Beta_396924_nt6049_L1_Tile_rc|1

ATTACTGTTATTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAAGGATGGCCTGAAGTACCAAC
>HPV15_Beta_396924_nt6059_L1_Tile_rc|1
TGCCTTGATAATTACTGTTATTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAAGGATGGCCTG
>HPV15_Beta_396924_nt6064_L1_Tile_rc|1
AGAGTTGCCCTTGATAATTACTGTTATTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAAGGATG
>HPV15_Beta_396924_nt6069_L1_Tile_rc|1
TCAGTAGAGTTGCCCTTGATAATTACTGTTATTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAA
>HPV15_Beta_396924_nt6314_L1_Tile_rc|1
CCAGACTCACATCTGACTTAGTAAGGCTTGTTATTAATGTTACCAAAACCTA
>HPV15_Beta_396924_nt6319_L1_Tile_rc|1
TATATCCAGACTCACATCTGACTTAGTAAGGCTTGTTATTAATGTTACCAAA
>HPV15_Beta_396924_nt6324_L1_Tile_rc|1
TTCATATATCCAGACTCACATCTGACTTAGTAAGGCTTGTTATTAATGTTA
>HPV15_Beta_396924_nt6549_L1_Tile_rc|1
AAGTAAGTAGAATTTGCTAAGTTATTTTGTGTTGGGTTGATTGTGCTGGTAAATAAAAA
>HPV15_Beta_396924_nt6554_L1_Tile_rc|1
TGGGAAAGTAAGTAGAATTTGCTAAGTTATTTGTTGTTGGGTTGATTGTGCTGGTAAAT
>HPV15_Beta_396924_nt6699_L1_Tile_rc|1
AAATTTGTATTCCCTTGTTGTTATCTGCAACAGTAATAAACATCTGATTACCCCAAAGTATG
>HPV15_Beta_396924_nt6709_L1_Tile_rc|1
ACTAATAGTAAAATTTGTATTCCCTGTGTTATCTGCAACAGTAATAAACATCTGATTACC
>HPV15_Beta_396924_nt6734_L1_Tile_rc|1
TTATGGCATTACCATCAGAGGTAACACTAATAGTAAAATTTGTATTCCCTGTGTTATCTG
>HPV15_Beta_396924_nt6744_L1_Tile_rc|1
TTATATTCAATTTATGGCATTACCATCAGAGGTAACACTAATAGTAAAATTTGTATTCCCT
>HPV15_Beta_396924_nt6759_L1_Tile_rc|1
CTGATATTTTGTGAATTATATTCAATTTATGGCATTACCATCAGAGGTAACACTAATAGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6015_L1_Tile_rc|1
CATTCTCTATTATCCACACCTGCATTTGCTGCATAAGCACTAGCATTTTCTGTGTCATCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6020_L1_Tile_rc|1
ATATACATTCTCTATTATCCACACCTGCATTTGCTGCATAAGCACTAGCATTTTCTGTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6025_L1_Tile_rc|1
CATAGATATACATTCTCTATTATCCACACCTGCATTTGCTGCATAAGCACTAGCATTTTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6035_L1_Tile_rc|1
GTTTGTAATCCATAGATATACATTCTCTATTATCCACACCTGCATTTGCTGCATAAGCAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6120_L1_Tile_rc|1
TTTACTGCAACATTGGTACATGGGGATCCTTTGCCCCAGTGTTCCCTTATAGGTGGTTTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6125_L1_Tile_rc|1
CTGGATTTACTGCAACATTGGTACATGGGGATCCTTTGCCCCAGTGTTCCCTTATAGGTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6155_L1_Tile_rc|1
TGTTTATTAACCTAATGGTGGACAATCACCTGGATTTACTGCAACATTGGTACATGGGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6160_L1_Tile_rc|1
AACTGTGTTTATTAACCTAATGGTGGACAATCACCTGGATTTACTGCAACATTGGTACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6420_L1_Tile_rc|1
CCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTACATTTTCACCAACAGTACCAGCCCTATTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6425_L1_Tile_rc|1
TAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTACATTTTCACCAACAGTACCAGCCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6440_L1_Tile_rc|1
TGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTACATTTTCAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6445_L1_Tile_rc|1
TGAAGTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTACATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6450_L1_Tile_rc|1
TAATTTGAACTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6455_L1_Tile_rc|1
GAAATAATTTGAACTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGT

>HPV16_Alpha_9627100_nt6460_L1_Tile_rc|1
TGTAGGAAAAATAATTTGAACTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTATAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6640_L1_Tile_rc|1
TGTAGTTTCTGAAGTAGATATGGCAGCACATAATGACATATTTGTACTGCGTGTAGTATC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6650_L1_Tile_rc|1
TATTTTTATATGTAGTTTCTGAAGTAGATATGGCAGCACATAATGACATATTTGTACTGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6655_L1_Tile_rc|1
GTTAGTATTTTTATATGTAGTTTCTGAAGTAGATATGGCAGCACATAATGACATATTTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6820_L1_Tile_rc|1
TAGTGTGCCTCCTGGGGGAGGTTGTAGACCAAAATTCAGTCCTCCAAAATAGTGGAATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6845_L1_Tile_rc|1
GGGTTACAAACCTATAAGTATCTTCTAGTGTGCCTCCTGGGGGAGGTTGTAGACCAAAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6850_L1_Tile_rc|1
TGCCTGGGTTACAAACCTATAAGTATCTTCTAGTGTGCCTCCTGGGGGAGGTTGTAGACC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6860_L1_Tile_rc|1
GACAAGCAATTGCCTGGGTTACAAACCTATAAGTATCTTCTAGTGTGCCTCCTGGGGGAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6865_L1_Tile_rc|1
TTTTTGCAGCAATTGCCTGGGTTACAAACCTATAAGTATCTTCTAGTGTGCCTCCTGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6870_L1_Tile_rc|1
GTATGTTTTTGCAGCAATTGCCTGGGTTACAAACCTATAAGTATCTTCTAGTGTGCCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6880_L1_Tile_rc|1
TGCTGGAGGTGTATGTTTTTGCAGCAATTGCCTGGGTTACAAACCTATAAGTATCTTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6890_L1_Tile_rc|1
CTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTTTTGACAAGCAATTGCCTGGGTTACAAACCTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6900_L1_Tile_rc|1
AGGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTTTTGACAAGCAATTGCCTGGGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6910_L1_Tile_rc|1
GTATTTTTTAAGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTTTTGACAAGCAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6915_L1_Tile_rc|1
AAAGTGTATTTTTTAAGGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTTTTGACAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6920_L1_Tile_rc|1
CCCCAAAAGTGATTTTTTTAAGGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6930_L1_Tile_rc|1
AAATTTACTTCCCAAAAAGTGTATTTTTTAAGGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6935_L1_Tile_rc|1
CCTTTAAATTTACTTCCCAAAAAGTGTATTTTTTAAGGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7020_L1_Tile_rc|1
GTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCTTGTAGTAAAAATTTGCGTCCTAAAGGAAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7025_L1_Tile_rc|1
CTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCTTGTAGTAAAAATTTGCGTCCTAAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7030_L1_Tile_rc|1
TTTTCCTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCTTGTAGTAAAAATTTGCGTCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7035_L1_Tile_rc|1
TTTCGTTTCCCTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCTTGTAGTAAAAATTTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7040_L1_Tile_rc|1
TAGCTTTTCGTTTCCCTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCTTGTAGTAAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7050_L1_Tile_rc|1
GTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTCCCTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7055_L1_Tile_rc|1
ATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTCCCTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7065_L1_Tile_rc|1
GTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTCCCTAATGTAAATTTTGGTTTGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7070_L1_Tile_rc|1
CAGTTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTCCCTAATGTAAATTTTGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7075_L1_Tile_rc|1

TTTAGCAGTTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTTCTAATGTAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7085_L1_Tile_rc|1
GTTTTTTGCGTTTAGCAGTTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7095_L1_Tile_rc|1
TACAGCTTACGTTTTTTGCGTTTAGCAGTTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7096_L1_Tile_rc|1
TTACAGCTTACGTTTTTTGCGTTTAGCAGTTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGC
>HPV17_Beta_396932_nt6085_L1_Tile_rc|1
AGATCCACCTTGATAGCTACTGTTATTTTCAGTGTCTCTTAAGTTATTAAACAAGGGATG
>HPV17_Beta_396932_nt6205_L1_Tile_rc|1
GTTTTGTTCATTTTCACATACAGGAGCCCTGTCCCAATGTTCTCCAATACAAGGTACACA
>HPV17_Beta_396932_nt6210_L1_Tile_rc|1
TGATTGTTTTGTTTCATTTTCACATACAGGAGCCCTGTCCCAATGTTCTCCAATACAAGGT
>HPV17_Beta_396932_nt6215_L1_Tile_rc|1
CTGTTTGATTGTTTTGTTTCATTTTCACATACAGGAGCCCTGTCCCAATGTTCTCCAATAC
>HPV17_Beta_396932_nt6230_L1_Tile_rc|1
ATGGTGGACACAGGCCTGTTTGATTGTTTGTTCATTTTCACATACAGGAGCCCTGTCCC
>HPV17_Beta_396932_nt6240_L1_Tile_rc|1
TTTAATTCCAATGGTGGACACAGGCCTGTTTGATTGTTTGTTCATTTTCACATACAGGA
>HPV17_Beta_396932_nt6245_L1_Tile_rc|1
TGTTTTTTAATTCCAATGGTGGACACAGGCCTGTTTGATTGTTTGTTCATTTTCACATA
>HPV17_Beta_396932_nt6255_L1_Tile_rc|1
TCGATAACAGTGTTTTTTAATTCCAATGGTGGACACAGGCCTGTTTGATTGTTTTGTTCA
>HPV17_Beta_396932_nt6565_L1_Tile_rc|1
AGTGAATTACCCAAAGTGCCTGTTGTTGGCCAGTTTGAGCTGGTAAATAAAATTTGTG
>HPV17_Beta_396932_nt6730_L1_Tile_rc|1
GCTAATAGAAAAATTTGTGTTTCCTAGTGTTGTCAGCTACAGTCACAAATATCTGATTCCC
>HPV17_Beta_396932_nt6745_L1_Tile_rc|1
AGCTTCTGTAGACACGCTAATAGAAAAATTTGTGTTTCCTAGTGTTGTCAGCTACAGTCAC
>HPV17_Beta_396932_nt6755_L1_Tile_rc|1
TAACAGCCCCAGCTTCTGTAGACACGCTAATAGAAAAATTTGTGTTTCCTAGTGTTGTCAG
>HPV17_Beta_396932_nt7100_L1_Tile_rc|1
ATTTTCGTCCTAGGGGATACTGATCTAAATCTAATGATAATTTCTCAGTAAGATTTACAT
>HPV17_Beta_396932_nt7105_L1_Tile_rc|1
AATAAATTTTCGTCCTAGGGGATACTGATCTAAATCTAATGATAATTTCTCAGTAAGATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5436_L1_Tile_rc|1
TACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATATCAGGACCCGTGTATACAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5441_L1_Tile_rc|1
GGTGATACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATATCAGGACCCGTGTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5446_L1_Tile_rc|1
CCGTGGGTGATACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATATCAGGACCCG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5466_L1_Tile_rc|1
ATACTGTGTAGAGGCAGGGGCCGTGGGTGATACAATGGGCCATACAGAGGTAGTAGATGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5476_L1_Tile_rc|1
GTATACCAATATACTGTGTAGAGGCAGGGGCCGTGGGTGATACAATGGGCCATACAGAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5481_L1_Tile_rc|1
ACCATGTATACCAATATACTGTGTAGAGGCAGGGGCCGTGGGTGATACAATGGGCCATAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5486_L1_Tile_rc|1
TGTGTACCATGTATACCAATATACTGTGTAGAGGCAGGGGCCGTGGGTGATACAATGGGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5491_L1_Tile_rc|1
AATAATGTGTACCATGTATACCAATATACTGTGTAGAGGCAGGGGCCGTGGGTGATACAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5496_L1_Tile_rc|1
CAAATAATAATGTGTACCATGTATACCAATATACTGTGTAGAGGCAGGGGCCGTGGGTGA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5506_L1_Tile_rc|1
ATAATGGCCACAAATAATAATGTGTACCATGTATACCAATATACTGTGTAGAGGCAGGGG

>HPV18_Alpha_9626069_nt5511_L1_Tile_rc|1
ATAATATAATGGCCACAAATAATAATGTGTACCATGTATACCAATATACTGTGTAGAGGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5976_L1_Tile_rc|1
TCAGAAACATTAGACGTGGCGGCATGGGAACTTTCAGTGTTCATCTAATTTATTATAAAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5981_L1_Tile_rc|1
CGTCCTCAGAAACATTAGACGTGGCGGCATGGGAACTTTCAGTGTTCATCTAATTTATTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5996_L1_Tile_rc|1
ACACATTGTCCCTAACGTCCTCAGAAACATTAGACGTGGCGGCATGGGAACTTTCAGTGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6131_L1_Tile_rc|1
TGTTTTTAAAGTTCTAAAGGGGGGCAATCGCCCTGTGATAAAGGACGCGATTTACAAGCAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6136_L1_Tile_rc|1
AACTGTGTTTTTAAAGTTCTAAAGGGGGGCAATCGCCCTGTGATAAAGGACGCGATTTACA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6146_L1_Tile_rc|1
CATCTTCCAAAACGTGTGTTTTTAAAGTTCTAAAGGGGGGCAATCGCCCTGTGATAAAGGAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt6421_L1_Tile_rc|1
ACAGCTGCCAGGTGAAGCAGGCATACCTGTGCCTTTAATATATAAGGATTGAGGCACAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6426_L1_Tile_rc|1
TACACACAGCTGCCAGGTGAAGCAGGCATACCTGTGCCTTTAATATATAAGGATTGAGGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt6441_L1_Tile_rc|1
CTTGAGAGGGAGAATACACACAGCTGCCAGGTGAAGCAGGCATACCTGTGCCTTTAATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6621_L1_Tile_rc|1
TATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAACACATATTGTTAAATTGGTACTGGGAGTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6626_L1_Tile_rc|1
CATCATATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAACACATATTGTTAAATTGGTACTGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6631_L1_Tile_rc|1
GGTAGCATCATATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAACACATATTGTTAAATTGGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6636_L1_Tile_rc|1
AATTTGGTAGCATCATATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAACACATATTGTTAAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6641_L1_Tile_rc|1
GCTTAAATTTGGTAGCATCATATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAACACATATTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6651_L1_Tile_rc|1
CTGCTATACTGCTTAAATTTGGTAGCATCATATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6791_L1_Tile_rc|1
TAGTTGGGGGGGGGGAACACCAAAGTTCCAATCCTCTAAAATACTGCTATTCATACTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7078_L1_Tile_rc|1
TTACTTCCCTGGCACGTACACGCACACGCTTGGCAGGTTTAGAAGACGTAGTGGCAGATGG
>HPV19_Beta_396940_nt5795_L1_Tile_rc|1
AGAAAATTATAAATATTTACGTTTTTCGTTTGAATCGCTTGCGAAGGCTGGGATGTAAGTA
>HPV19_Beta_396940_nt5800_L1_Tile_rc|1
GCAAAAGAAAATTATAAATATTTACGTTTTTCGTTTGAATCGCTTGCGAAGGCTGGGATGT
>HPV19_Beta_396940_nt6005_L1_Tile_rc|1
CCTGAAACTTTTGGAATTTCTAATTTTGATCCTGCAACATTATAAACATTAAAATATGGG
>HPV19_Beta_396940_nt6010_L1_Tile_rc|1
GATTTCTTGAACTTTTGGAATTTCTAATTTTGATCCTGCAACATTATAAACATTAAAAT
>HPV19_Beta_396940_nt6360_L1_Tile_rc|1
AGGACAGGATCCCTGAGGAATATCTTGCTCAGCACATGGTAATGCTTTATCCCAGTGTTT
>HPV19_Beta_396940_nt6370_L1_Tile_rc|1
ACTCTATAGGAGGACAGGATCCCTGAGGAATATCTTGCTCAGCACATGGTAATGCTTTAT
>HPV19_Beta_396940_nt6375_L1_Tile_rc|1
AATTAACCTCTATAGGAGGACAGGATCCCTGAGGAATATCTTGCTCAGCACATGGTAATGC
>HPV19_Beta_396940_nt6380_L1_Tile_rc|1
GAGTTAATTAACCTCTATAGGAGGACAGGATCCCTGAGGAATATCTTGCTCAGCACATGGT
>HPV19_Beta_396940_nt6385_L1_Tile_rc|1
TAACTGAGTTAATTAACCTCTATAGGAGGACAGGATCCCTGAGGAATATCTTGCTCAGCAC
>HPV19_Beta_396940_nt6400_L1_Tile_rc|1

TGTCTCCATCTTCAATAACTGAGTTAATTAAGTCTATAGGAGGACAGGATCCCTGAGGAA
>HPV19_Beta_396940_nt6710_L1_Tile_rc|1
ATGGCATTTCCTAAATTAGTATATTGTTGCTGACTATTGTTAGGAGGTATGTAGTATGTA
>HPV19_Beta_396940_nt7125_L1_Tile_rc|1
TAAAGAATCTATATATCTATAAGTGTCTGAATAGGATTATCGGGTGCAGGCACGAAACC
>HPV19_Beta_396940_nt7160_L1_Tile_rc|1
TCCTTAGGAGGATTTTTGTCAGGGCATCTAGTAGCTAAAGAATCTATATATCTATAAGTG
>HPV19_Beta_396940_nt7355_L1_Tile_rc|1
TAATTTTTTACGCTTTCTTTTAGTTCTCTGCTGGAGACCCGTGAAGATATAGTTTTTGTA
>HPV19_Beta_396940_nt7356_L1_Tile_rc|1
TTAATTTTTACGCTTTCTTTTAGTTCTCTGCTGGAGACCCGTGAAGATATAGTTTTTGT
>HPV20_Beta_1020162_nt6039_L1_Tile_rc|1
TTCCAGAAACCTTAGGGACTTTTATCTTAGTGCCTTGGATGTCATATATATTTAAATATG
>HPV20_Beta_1020162_nt6044_L1_Tile_rc|1
CTGATTTCCAGAAACCTTAGGGACTTTTATCTTAGTGCCTTGGATGTCATATATATTTAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6049_L1_Tile_rc|1
CTGTGCTGATTTCCAGAAACCTTAGGGACTTTTATCTTAGTGCCTTGGATGTCATATATA
>HPV20_Beta_1020162_nt6259_L1_Tile_rc|1
TCAGTTGAATTCCTTTTATATGAATTAGGGTTTTCTGTGTACCAAGTTTATTAAATAAT
>HPV20_Beta_1020162_nt6264_L1_Tile_rc|1
TATCATCAGTTGAATTCCTTTTATATGAATTAGGGTTTTCTGTGTACCAAGTTTATTAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6269_L1_Tile_rc|1
TTGTCTATCATCAGTTGAATTCCTTTTATATGAATTAGGGTTTTCTGTGTACCAAGTTT
>HPV20_Beta_1020162_nt6274_L1_Tile_rc|1
ACATTTTGTCTATCATCAGTTGAATTCCTTTTATATGAATTAGGGTTTTCTGTGTACCA
>HPV20_Beta_1020162_nt6399_L1_Tile_rc|1
CTATTGGAGGGCATGAACCTGGGTTTGGAAACGTCGTCTGCACATGGTAAAGCCCTGTCCC
>HPV20_Beta_1020162_nt6739_L1_Tile_rc|1
ATTGAATTACCTAGGTTGTTCTGTGCCTGATTATTCACAGGTGGAATGTAGAATGCATTC
>HPV20_Beta_1020162_nt6744_L1_Tile_rc|1
AATACATTGAATTACCTAGGTTGTTCTGTGCCTGATTATTCACAGGTGGAATGTAGAATG
>HPV20_Beta_1020162_nt6894_L1_Tile_rc|1
AATTTGTATTTTCGAGTATTATCTACTACAGTAACAAATAGTTGATTGAACCAGCAGATGC
>HPV20_Beta_1020162_nt6904_L1_Tile_rc|1
GATATGCTAAAATTTGTATTTTCGAGTATTATCTACTACAGTAACAAATAGTTGATTGAAC
>HPV20_Beta_1020162_nt6914_L1_Tile_rc|1
TGAATGAAGTATGCTAAAATTTGTATTTTCGAGTATTATCTACTACAGTAACAAATAG
>HPV20_Beta_1020162_nt6919_L1_Tile_rc|1
TTTTCTGAATGAAGTATGCTAAAATTTGTATTTTCGAGTATTATCTACTACAGTAACA
>HPV20_Beta_1020162_nt6924_L1_Tile_rc|1
CAGTGTTTTCTGAATGAAGTATGCTAAAATTTGTATTTTCGAGTATTATCTACTACAG
>HPV20_Beta_1020162_nt6929_L1_Tile_rc|1
AACATCAGTGTTTTCTGAATGAAGTATGCTAAAATTTGTATTTTCGAGTATTATCTAC
>HPV20_Beta_1020162_nt6934_L1_Tile_rc|1
TTAGAAACATCAGTGTTTTCTGAATGAAGTATGCTAAAATTTGTATTTTCGAGTATTA
>HPV20_Beta_1020162_nt6949_L1_Tile_rc|1
TCATAATTTTGAATTTTAGAAACATCAGTGTTTTCTGAATGAAGTATGCTAAAATTT
>HPV20_Beta_1020162_nt6954_L1_Tile_rc|1
GAGAATCATAATTTTGAATTTTAGAAACATCAGTGTTTTCTGAATGAAGTATGCTAA
>HPV20_Beta_1020162_nt7249_L1_Tile_rc|1
GATAATCTTTCTGATAGGTCAACATTCCAAAAGTTTAGATCCTTGTAAGGATCTTCTCTT
>HPV20_Beta_1020162_nt7254_L1_Tile_rc|1
CTAAGGATAATCTTTCTGATAGGTCAACATTCCAAAAGTTTAGATCCTTGTAAGGATCTT
>HPV20_Beta_1020162_nt7259_L1_Tile_rc|1
CAATTCTAAGGATAATCTTTCTGATAGGTCAACATTCCAAAAGTTTAGATCCTTGTAAGG

>HPV20_Beta_1020162_nt7384_L1_Tile_rc|1
TATTGTTTGC GTTTTC GTTTGACGCCCC TAGTAGATAACTTTGAAGATACAGTTTTTGT
>HPV20_Beta_1020162_nt7385_L1_Tile_rc|1
TTATTGTTTGC GTTTTC GTTTGACGCCCC TAGTAGATAACTTTGAAGATACAGTTTTTGT
>HPV21_Beta_1020170_nt6300_L1_Tile_rc|1
CAGTAGAATTTGGTTGAGTTTTGTATGAACTAGGATTTTCTGTGTCCCCAACTTTATTAA
>HPV21_Beta_1020170_nt6305_L1_Tile_rc|1
ATCATCAGTAGAATTTGGTTGAGTTTTGTATGAACTAGGATTTTCTGTGTCCCCAACTTT
>HPV21_Beta_1020170_nt6430_L1_Tile_rc|1
CACGATCCTGGAGGTGGATTGTCTAGTTGCACATGGGATAGCTTTATCCCAATGTTCTCCT
>HPV21_Beta_1020170_nt6445_L1_Tile_rc|1
AATTCAATCGGAGGGCACGATCCTGGAGGTGGATTGTCTAGTTGCACATGGGATAGCTTTA
>HPV21_Beta_1020170_nt6450_L1_Tile_rc|1
TAATTAATTC AATCGGAGGGCACGATCCTGGAGGTGGATTGTCTAGTTGCACATGGGATAG
>HPV21_Beta_1020170_nt6455_L1_Tile_rc|1
TGAATTAATTAATTC AATCGGAGGGCACGATCCTGGAGGTGGATTGTCTAGTTGCACATGG
>HPV21_Beta_1020170_nt6460_L1_Tile_rc|1
ATTGCTGAATTAATTAATTC AATCGGAGGGCACGATCCTGGAGGTGGATTGTCTAGTTGCA
>HPV21_Beta_1020170_nt6970_L1_Tile_rc|1
ACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAATACTAAAGTTTGTGTTACGAGTGTTGTCTACT
>HPV21_Beta_1020170_nt6980_L1_Tile_rc|1
AATTTTACGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAATACTAAAGTTTGTGTTACGAGT
>HPV21_Beta_1020170_nt6985_L1_Tile_rc|1
TTTTCAATTTTACGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAATACTAAAGTTTGTGTTA
>HPV21_Beta_1020170_nt6990_L1_Tile_rc|1
TATAATTTTCAATTTTACGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAATACTAAAGTTTG
>HPV21_Beta_1020170_nt6995_L1_Tile_rc|1
GGCTTTTATAATTTTCAATTTTACGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAATACTAAA
>HPV21_Beta_1020170_nt7000_L1_Tile_rc|1
CTCTCGGCTTTATAATTTTCAATTTTACGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAATA
>HPV21_Beta_1020170_nt7005_L1_Tile_rc|1
GAAAGCTCTCGGCTTTATAATTTTCAATTTTACGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTG
>HPV21_Beta_1020170_nt7425_L1_Tile_rc|1
AATTTTTGCGTTTTTCGTTTAATTCCTCTGGTAGATACCCTTGAAGAAAGTGCTTTTGTAC
>HPV21_Beta_1020170_nt7427_L1_Tile_rc|1
CTAATTTTTGCGTTTTTCGTTTAATTCCTCTGGTAGATACCCTTGAAGAAAGTGCTTTTGT
>HPV22_Beta_1020178_nt5883_L1_Tile_rc|1
GATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAAATTTGTTAGGATCTGGAAATGTTACTCTAA
>HPV22_Beta_1020178_nt5893_L1_Tile_rc|1
TACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAAATTTGTTAGGATCTGGAAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt5898_L1_Tile_rc|1
ATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAAATTTGTTAGGATCTG
>HPV22_Beta_1020178_nt5903_L1_Tile_rc|1
TACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAAATTTGTTAGG
>HPV22_Beta_1020178_nt5908_L1_Tile_rc|1
GCCCATACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAAATTTG
>HPV22_Beta_1020178_nt5913_L1_Tile_rc|1
TACAAGCCCATACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAA
>HPV22_Beta_1020178_nt5918_L1_Tile_rc|1
CCCTTTACAAGCCCATACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTCCCAA
>HPV22_Beta_1020178_nt5923_L1_Tile_rc|1
TCTAACCTTTTACAAGCCCATACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCT
>HPV22_Beta_1020178_nt5928_L1_Tile_rc|1
CTATTTCTAACCTTTTACAAGCCCATACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCA
>HPV22_Beta_1020178_nt5933_L1_Tile_rc|1

TCTTCCTATTTCTAACCCTTTACAAGCCCATACTAATCTATACCTTTCTGGGATCATGGAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6028_L1_Tile_rc|1
TCTGATGTTCCCTTCCTGGCGTTCAGTAGGGTTTTTCAGTATCATGTAATTTATTAAATAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6033_L1_Tile_rc|1
TATCATCTGATGTTCCCTTCCTGGCGTTCAGTAGGGTTTTTCAGTATCATGTAATTTATTAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6038_L1_Tile_rc|1
TCTTCTATCATCTGATGTTCCCTTCCTGGCGTTCAGTAGGGTTTTTCAGTATCATGTAATTT
>HPV22_Beta_1020178_nt6043_L1_Tile_rc|1
ACATTTCTTCTATCATCTGATGTTCCCTTCCTGGCGTTCAGTAGGGTTTTTCAGTATCATGT
>HPV22_Beta_1020178_nt6288_L1_Tile_rc|1
AGATTTTCATTTACAATGTCTAAGCTTACATCAGATCTATTAAATGATAGTGTTTTATTAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6358_L1_Tile_rc|1
CTACGTGCACAAAAAAGCATGAGTCGCCATAGACATCATTTGACATTGTAAGAAAATCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6363_L1_Tile_rc|1
GCTCCCTACGTGCACAAAAAAGCATGAGTCGCCATAGACATCATTTGACATTGTAAGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6428_L1_Tile_rc|1
TGCATCATCTGGTATAGCATCACCAACAAGACCACCACGTACAAAATTGTGTCGTGCATA
>HPV22_Beta_1020178_nt6433_L1_Tile_rc|1
TGAAGTGCATCATCTGGTATAGCATCACCAACAAGACCACCACGTACAAAATTGTGTCGT
>HPV22_Beta_1020178_nt6443_L1_Tile_rc|1
ATGATCTTGTTGAACTGCATCATCTGGTATAGCATCACCAACAAGACCACCACGTACAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6453_L1_Tile_rc|1
AGTAATATTTATGATCTTGTTGAACTGCATCATCTGGTATAGCATCACCAACAAGACCAC
>HPV22_Beta_1020178_nt6458_L1_Tile_rc|1
AGGCAAGTAATATTTATGATCTTGTTGAACTGCATCATCTGGTATAGCATCACCAACAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt6473_L1_Tile_rc|1
AGTCTGTGAAGCTGCAGGCAAGTAATATTTATGATCTTGTTGAACTGCATCATCTGGTAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6498_L1_Tile_rc|1
GAAAGTAAGTGGAGTTTTCTAAAGCAGTCTGTGAAGCTGCAGGCAAGTAATATTTATGAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6503_L1_Tile_rc|1
GGTTGGAAAGTAAGTGGAGTTTTCTAAAGCAGTCTGTGAAGCTGCAGGCAAGTAATATTT
>HPV22_Beta_1020178_nt6508_L1_Tile_rc|1
CTAACGGTTGGAAAGTAAGTGGAGTTTTCTAAAGCAGTCTGTGAAGCTGCAGGCAAGTAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6513_L1_Tile_rc|1
AACCACCTAACGGTTGGAAAGTAAGTGGAGTTTTCTAAAGCAGTCTGTGAAGCTGCAGGCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6518_L1_Tile_rc|1
TAAAGAACCACCTAACGGTTGGAAAGTAAGTGGAGTTTTCTAAAGCAGTCTGTGAAGCTGC
>HPV22_Beta_1020178_nt6573_L1_Tile_rc|1
CCTGCGCGCGCTTCAACCAAAAAGCCTGTTGAATAGTTGGGCATCAGAGGTTACTAAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt6683_L1_Tile_rc|1
ATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTTGCCACACTAATAGAAAAATTAGTGTTACGGGTATTATC
>HPV22_Beta_1020178_nt6688_L1_Tile_rc|1
TCATAATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTTGCCACACTAATAGAAAAATTAGTGTTACGGGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt6693_L1_Tile_rc|1
TAGCATCATAATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTTGCCACACTAATAGAAAAATTAGTGTTAC
>HPV22_Beta_1020178_nt6698_L1_Tile_rc|1
TTTTTTTAGCATCATAATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTTGCCACACTAATAGAAAAATTAGT
>HPV22_Beta_1020178_nt6703_L1_Tile_rc|1
CTGATTTTTTTAGCATCATAATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTTGCCACACTAATAGAAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6708_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTGATTTTTTTTAGCATCATAATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTTGCCACACTAATAG
>HPV22_Beta_1020178_nt6718_L1_Tile_rc|1
TGGCGCATAAATTCTCTGATTTTTTTTAGCATCATAATTAAGTGTGGTGCCGTCACCTGCC
>HPV22_Beta_1020178_nt6738_L1_Tile_rc|1
ATAATTGGTATTCTTCCACATGGCGCATAAATTCTCTGATTTTTTTTAGCATCATAATTAA

>HPV22_Beta_1020178_nt6763_L1_Tile_rc|1
ATTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAATTGGTATTCTTCCACATGGCGCATAAATTCT
>HPV22_Beta_1020178_nt6768_L1_Tile_rc|1
ATGGTATTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAATTGGTATTCTTCCACATGGCGCATAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6773_L1_Tile_rc|1
TTCTAATGGTATTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAATTGGTATTCTTCCACATGGCG
>HPV22_Beta_1020178_nt6783_L1_Tile_rc|1
ATACCTCTGCTTCTAATGGTATTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAATTGGTATTCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt6788_L1_Tile_rc|1
AGTTAATACCTCTGCTTCTAATGGTATTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAATTGGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt6793_L1_Tile_rc|1
ATTTGAGTTAATACCTCTGCTTCTAATGGTATTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6808_L1_Tile_rc|1
TGATTCATGGCATTAAATTTGAGTTAATACCTCTGCTTCTAATGGTATTCTACATAGCTGC
>HPV22_Beta_1020178_nt6813_L1_Tile_rc|1
TGCCATGATTCATGGCATTAAATTTGAGTTAATACCTCTGCTTCTAATGGTATTCTACATA
>HPV22_Beta_1020178_nt7063_L1_Tile_rc|1
GCACTGGCCCTTGACGTTGTAACCCAGATTGAAATAAAAATTTACGACCCAGTGGATAC
>HPV22_Beta_1020178_nt7083_L1_Tile_rc|1
AACGTTTCACACTGACCCTGGCACTGGCCCTTGACGTTGTAACCCAGATTGAAATAAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt7088_L1_Tile_rc|1
AGCAGAACGTTTCACACTGACCCTGGCACTGGCCCTTGACGTTGTAACCCAGATTGAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt7098_L1_Tile_rc|1
TTTTCCGCGTAGCAGAACGTTTCACACTGACCCTGGCACTGGCCCTTGACGTTGTAACC
>HPV22_Beta_1020178_nt7128_L1_Tile_rc|1
TAAGTTTCCCTCGTTTTACAGTTTTAGACGTTTTCCGCGTAGCAGAACGTTTCACACTGA
>HPV23_Beta_1020186_nt5816_L1_Tile_rc|1
CTGAATTGATTCCCTGAAACCTTTGGTACATCTATTTTACTACCATCCGGTGATCTAACA
>HPV23_Beta_1020186_nt5896_L1_Tile_rc|1
ACCTGTATTTATCAGGATCATAGATAGTCATGTCTGCTAATGCAAACCTATTAGGGTCTG
>HPV23_Beta_1020186_nt5971_L1_Tile_rc|1
ATAGCGGGTGTCCTGTACTGCCGACCCCTAAAGGTTGGCCGCGGCCGATTTCAGTCCTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6001_L1_Tile_rc|1
TAGAATTTTCTGCATCACGGAGCTTATTAAATAGCGGGTGTCCTGTACTGCCGACCCCTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6006_L1_Tile_rc|1
TTCCTAGAAATTTTCTGCATCACGGAGCTTATTAAATAGCGGGTGTCCTGTACTGCCGAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6026_L1_Tile_rc|1
TCTACAGTACCTTCCTGACGTTCACTAGAATTTTCTGCATCACGGAGCTTATTAAATAGC
>HPV23_Beta_1020186_nt6031_L1_Tile_rc|1
TGTCATCTACAGTACCTTCCTGACGTTCACTAGAATTTTCTGCATCACGGAGCTTATTAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6041_L1_Tile_rc|1
ATATTTCTTCTGTCATCTACAGTACCTTCCTGACGTTCACTAGAATTTTCTGCATCACGG
>HPV23_Beta_1020186_nt6046_L1_Tile_rc|1
ATGAGATATTTCTTCTGTCATCTACAGTACCTTCCTGACGTTCACTAGAATTTTCTGCAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6051_L1_Tile_rc|1
ATCAAATGAGATATTTCTTCTGTCATCTACAGTACCTTCCTGACGTTCACTAGAATTTTC
>HPV23_Beta_1020186_nt6166_L1_Tile_rc|1
CTAAAGGAGGACACAACCCTAGTTGGCTACCTGCATCTTTACAGACAGGAGCTGTATCCC
>HPV23_Beta_1020186_nt6181_L1_Tile_rc|1
CACTGTTTTTAAATTCTAAAGGAGGACACAACCCTAGTTGGCTACCTGCATCTTTACAGA
>HPV23_Beta_1020186_nt6236_L1_Tile_rc|1
GTTTTATTATTGATATTACCAAAGCCAATGTCTGAACATGTCCCCATCTTCTATAACACTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6246_L1_Tile_rc|1
AAAGGATAATGTTTTATTATTGATATTACCAAAGCCAATGTCTGAACATGTCCCCATCTTC
>HPV23_Beta_1020186_nt6256_L1_Tile_rc|1

CTGATCTATTAAAGGATAATGTTTTATTATTGATATTACCAAAGCCAATGTCGAACATGT
>HPV23_Beta_1020186_nt6286_L1_Tile_rc|1
AAACCTCATTTACAAGATCTAAACTAACATCTGATCTATTAAAGGATAATGTTTTATTAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6476_L1_Tile_rc|1
AAAGTGTTTTGTTGGTCTGCAGGTAAATAATATTTGTGATCCTGTTGAACTGCACCATCA
>HPV23_Beta_1020186_nt6491_L1_Tile_rc|1
TAAAGTGAGTTTTCTAAAGTGTTTTGTTGGTCTGCAGGTAAATAATATTTGTGATCCTGT
>HPV23_Beta_1020186_nt6501_L1_Tile_rc|1
AGTAGGAAAAATAAAGTGAGTTTTCTAAAGTGTTTTGTTGGTCTGCAGGTAAATAATATTT
>HPV23_Beta_1020186_nt6506_L1_Tile_rc|1
CTGACAGTAGGAAAAATAAAGTGAGTTTTCTAAAGTGTTTTGTTGGTCTGCAGGTAAATAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6516_L1_Tile_rc|1
CAAAGATCCACTGACAGTAGGAAAAATAAAGTGAGTTTTCTAAAGTGTTTTGTTGGTCTGC
>HPV23_Beta_1020186_nt6521_L1_Tile_rc|1
GTTACCAAAGATCCACTGACAGTAGGAAAAATAAAGTGAGTTTTCTAAAGTGTTTTGTTGG
>HPV23_Beta_1020186_nt6526_L1_Tile_rc|1
CAGAAGTTACCAAAGATCCACTGACAGTAGGAAAAATAAAGTGAGTTTTCTAAAGTGTTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt6646_L1_Tile_rc|1
TAAAGTTTGATTACGTGTATTATCTGCTACAGTCACAAACATCTGGTTGTTCCATAAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6651_L1_Tile_rc|1
GATACTAAAGTTTGTATTACGTGTATTATCTGCTACAGTCACAAACATCTGGTTGTTCCA
>HPV23_Beta_1020186_nt6666_L1_Tile_rc|1
GTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGTATTACGTGTATTATCTGCTACAGTCACAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6671_L1_Tile_rc|1
CTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGTATTACGTGTATTATCTGCTACAGTC
>HPV23_Beta_1020186_nt6676_L1_Tile_rc|1
CTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGTATTACGTGTATTATCTGCTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6681_L1_Tile_rc|1
CTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGTATTACGTGTATTATC
>HPV23_Beta_1020186_nt6686_L1_Tile_rc|1
TCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGTATTACGTGTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6691_L1_Tile_rc|1
TGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGTATTAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6696_L1_Tile_rc|1
TTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGT
>HPV23_Beta_1020186_nt6701_L1_Tile_rc|1
CTAATTTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6706_L1_Tile_rc|1
ACTCTCTAATTTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATAC
>HPV23_Beta_1020186_nt6711_L1_Tile_rc|1
TGTAAACTCTCTAATTTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACT
>HPV23_Beta_1020186_nt6716_L1_Tile_rc|1
TGTCTTGTAAACTCTCTAATTTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6721_L1_Tile_rc|1
CAACATGTCTTGTAAACTCTCTAATTTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6741_L1_Tile_rc|1
AAAAGAAAGTTGGTATTCTTCAACATGTCTTGTAAACTCTCTAATTTTAGTGGCATCATA
>HPV23_Beta_1020186_nt6761_L1_Tile_rc|1
ATCCTGCACAACCTGTAGTATAAAAGAAAGTTGGTATTCTTCAACATGTCTTGTAAACTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt6781_L1_Tile_rc|1
AGACCTCGGCCTTTAAAGGTATCCTGCACAACCTGTAGTATAAAAGAAAGTTGGTATTCTT
>HPV23_Beta_1020186_nt6786_L1_Tile_rc|1
TGTTAAGACCTCGGCCTTTAAAGGTATCCTGCACAACCTGTAGTATAAAAGAAAGTTGGTA
>HPV23_Beta_1020186_nt6791_L1_Tile_rc|1
ATTTGTGTTAAGACCTCGGCCTTTAAAGGTATCCTGCACAACCTGTAGTATAAAAGAAAGT

>HPV23_Beta_1020186_nt6796_L1_Tile_rc|1
CATTAATTTGTGTTAAGACCTCGGCCTTTAAAGGTATCCTGCACAACCTGTAGTATAAAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6801_L1_Tile_rc|1
CATGGCATTAAATTTGTGTTAAGACCTCGGCCTTTAAAGGTATCCTGCACAACCTGTAGTAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6896_L1_Tile_rc|1
GTGGCCTTTGAAGCCAAATATCTGTATGTGTCATGAACCTGCATTATCTGGTGTAGGAACA
>HPV23_Beta_1020186_nt6926_L1_Tile_rc|1
TGCGTGTTCAGTACTGCATCTGGACATTTTGTGGCCTTTGAAGCCAAATATCTGTATGTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6936_L1_Tile_rc|1
ATCCTCTTTTTGCGTGTTCAGGACTGCATCTGGACATTTTGTGGCCTTTGAAGCCAAATA
>HPV23_Beta_1020186_nt7021_L1_Tile_rc|1
ACTTACGGCCTAAGGGATATTGATCTAGGTCTAGAGACAATTTTCTGTTCATATCAACAT
>HPV23_Beta_1020186_nt7026_L1_Tile_rc|1
CAGAACTTACGGCCTAAGGGATATTGATCTAGGTCTAGAGACAATTTTCTGTTCATATC
>HPV23_Beta_1020186_nt7041_L1_Tile_rc|1
CACTCCAATTTGAAACAGAACTTACGGCCTAAGGGATATTGATCTAGGTCTAGAGACAA
>HPV23_Beta_1020186_nt7051_L1_Tile_rc|1
GTACACGCTGCACTCCAATTTGAAACAGAACTTACGGCCTAAGGGATATTGATCTAGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt7061_L1_Tile_rc|1
GTACCGGACCGTACACGCTGCACTCCAATTTGAAACAGAACTTACGGCCTAAGGGATAT
>HPV23_Beta_1020186_nt7066_L1_Tile_rc|1
GTTTGGTACCGGACCGTACACGCTGCACTCCAATTTGAAACAGAACTTACGGCCTAAGG
>HPV23_Beta_1020186_nt7086_L1_Tile_rc|1
CACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACCGTACACGCTGCACTCCAATTTGAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt7096_L1_Tile_rc|1
CAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACCGTACACGCTGCACTC
>HPV23_Beta_1020186_nt7106_L1_Tile_rc|1
TTCCTTTTGACAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACCGTACA
>HPV23_Beta_1020186_nt7111_L1_Tile_rc|1
CTTTTTTCCTTTTGACAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACC
>HPV23_Beta_1020186_nt7116_L1_Tile_rc|1
TTGCACTTTTTCCTTTTGACAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACC
>HPV23_Beta_1020186_nt7122_L1_Tile_rc|2
TTACAATTGCACTTTTTTCCTTTTGACAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6079_L1_Tile_rc|1
GACGATGCTTGTGTCCTATATGATACAGGGTTTTCTGTGTCATTCACCTTTGTTAAATAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6089_L1_Tile_rc|1
ATCATCTGTGGACGATGCTTGTGTCCTATATGATACAGGGTTTTCTGTGTCATTCACCTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6094_L1_Tile_rc|1
TGTCTATCATCTGTGGACGATGCTTGTGTCCTATATGATACAGGGTTTTCTGTGTCATTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6104_L1_Tile_rc|1
TGAGGTATTTTGTCTATCATCTGTGGACGATGCTTGTGTCCTATATGATACAGGGTTTTCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6204_L1_Tile_rc|1
CATCATTATTATCACCAGCACACCTCTCAGCTACTTCCCAATGTTCTCCTATGCAGGGTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6209_L1_Tile_rc|1
ACCAGCATCATTATTATCACCAGCACACCTCTCAGCTACTTCCCAATGTTCTCCTATGCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6214_L1_Tile_rc|1
CATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCACACCTCTCAGCTACTTCCCAATGTTCTCCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6234_L1_Tile_rc|1
TTACTAACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCACACCTCTCAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6244_L1_Tile_rc|1
ATTACTGAATTTACTAACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCACCAGCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6249_L1_Tile_rc|1
CTTGAATTACTGAATTTACTAACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATTATCAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6254_L1_Tile_rc|1

ACCATCTTGAATTACTGAATTTACTAACTTAATAGGTGGACATCTACCAGCATCATTATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6324_L1_Tile_rc|1
AACTTACGTCTGATCTACTTTGTTGTAGTGTTCTAAAATTTAAATTCCCATAACCAATAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6329_L1_Tile_rc|1
ATCCAAACTTACGTCTGATCTACTTTGTTGTAGTGTTCTAAAATTTAAATTCCCATAACC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6334_L1_Tile_rc|1
ACAATATCCAAACTTACGTCTGATCTACTTTGTTGTAGTGTTCTAAAATTTAAATTCCCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6339_L1_Tile_rc|1
CATTTACAATATCCAAACTTACGTCTGATCTACTTTGTTGTAGTGTTCTAAAATTTAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6344_L1_Tile_rc|1
GGTTTCATTTACAATATCCAAACTTACGTCTGATCTACTTTGTTGTAGTGTTCTAAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6514_L1_Tile_rc|1
AAGTCATTTTTGTAGGTCCCTGCATCAATTTGCTCACCAGGTATGTCATCCCCTGGTTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6739_L1_Tile_rc|1
GTGTATACACTTATACTAAAATTGGTGTTCCTGGTGTTATCTACTACCGTAATGAACAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6774_L1_Tile_rc|1
CATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTTTCAGTGTATACACTTATACTAAAATTGG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6779_L1_Tile_rc|1
AGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTTTCAGTGTATACACTTATACTAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6784_L1_Tile_rc|1
TTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTTTCAGTGTATACACTTATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6794_L1_Tile_rc|1
TTCCCTAAAATTTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTTTCAGTGTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6799_L1_Tile_rc|1
TGATATTCCCTAAATTTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTTTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6804_L1_Tile_rc|1
GTCTCTGATATTCCCTAAATTTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6809_L1_Tile_rc|1
TACATGTCTCTGATATTCCCTAAATTTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6839_L1_Tile_rc|1
CTGCAGTATAAGTGAAATTTTCACTCTTCTACATGTCTCTGATATTCCCTAAATTTATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6844_L1_Tile_rc|1
CATAGCTGCAGTATAAGTGAAATTTTCACTCTTCTACATGTCTCTGATATTCCCTAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6854_L1_Tile_rc|1
AGGGATTTTACATAGCTGCAGTATAAGTGAAATTTTCACTCTTCTACATGTCTCTGATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6864_L1_Tile_rc|1
CTGCTTTTAAAGGGATTTTACATAGCTGCAGTATAAGTGAAATTTTCACTCTTCTACAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6869_L1_Tile_rc|1
CACATCTGCTTTTAAAGGGATTTTACATAGCTGCAGTATAAGTGAAATTTTCACTCTTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6884_L1_Tile_rc|1
ATTGATCTGTGCTAACACATCTGCTTTTAAAGGGATTTTACATAGCTGCAGTATAAGTGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6904_L1_Tile_rc|1
AATAGAGATGGATTCATAGCATTGATCTGTGCTAACACATCTGCTTTTAAAGGGATTTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6989_L1_Tile_rc|1
AGGTGTTGCCAAACTTTCTATATATCTGTAGGTACTTTGAAGAGGATTGTCTGGTGCAGG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6994_L1_Tile_rc|1
GGACAAGGTGTTGCCAAACTTTCTATATATCTGTAGGTACTTTGAAGAGGATTGTCTGGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7119_L1_Tile_rc|1
GAAACAGGAACTTTCGTCCCTAAGGAATATTGATCCAGTTCCAAAGATAAGCGTTCAGATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7149_L1_Tile_rc|1
TTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTTGAAACAGGAACTTTCGTCCCTAAGGAATATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7154_L1_Tile_rc|1
TGTTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTTGAAACAGGAACTTTCGTCCCTAAGGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7159_L1_Tile_rc|1
TTAGATGTTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTTGAAACAGGAACTTTCGTCCCT

>HPV24_Unclassified_9628486_nt7164_L1_Tile_rc|1
ATACATTAGATGTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTTGAAACAGGAACTTTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7169_L1_Tile_rc|1
CTTGGATACATTAGATGTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTTGAAACAGGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7174_L1_Tile_rc|1
GTCCCCCTTGGATACATTAGATGTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTTGAAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7179_L1_Tile_rc|1
GTTTGGTCCCCCTTGGATACATTAGATGTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7184_L1_Tile_rc|1
TTTTCGTTTTGGTCCCCCTTGGATACATTAGATGTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7193_L1_Tile_rc|1
TTACGTGCGTTTTCTGTTTGGTCCCCCTTGGATACATTAGATGTTTTTTTAGATGTTTTTTG
>HPV25_Beta_396948_nt6030_L1_Tile_rc|1
GACACTTTTGGAAATTTGCAATTTAGAGCCTTGGACGTTGTACACATTAAATATGGGTGA
>HPV25_Beta_396948_nt6035_L1_Tile_rc|1
TTCCTGACACTTTTGGAAATTTGCAATTTAGAGCCTTGGACGTTGTACACATTAAATATG
>HPV25_Beta_396948_nt6040_L1_Tile_rc|1
TTGATTTCTGACACTTTTGGAAATTTGCAATTTAGAGCCTTGGACGTTGTACACATTAAA
>HPV25_Beta_396948_nt6245_L1_Tile_rc|1
TAGCTTTATAAGAATTTGGATTTCTGTGTCGCCAACCTTGTTAAACAATGGGTGACCCA
>HPV25_Beta_396948_nt6250_L1_Tile_rc|1
AGAAGTAGCTTTATAAGAATTTGGATTTTCTGTGTCGCCAACCTTGTTAAACAATGGGTG
>HPV25_Beta_396948_nt6255_L1_Tile_rc|1
TCTGTAGAACTAGCTTTATAAGAATTTGGATTTTCTGTGTCGCCAACCTTGTTAAACAAT
>HPV25_Beta_396948_nt6275_L1_Tile_rc|1
ATGATACATTTTGCCTGTCTGTAGAACTAGCTTTATAAGAATTTGGATTTTCTGTGT
>HPV25_Beta_396948_nt6280_L1_Tile_rc|1
GTCAAATGATACATTTTGCCTGTCTGTAGAACTAGCTTTATAAGAATTTGGATTTTCT
>HPV25_Beta_396948_nt6415_L1_Tile_rc|1
AATGACAGAATTAATTAATTCTATTGGAGGGCATGACCCTTGTTGAATATTGCCATCATC
>HPV25_Beta_396948_nt6735_L1_Tile_rc|1
GAGTTACCTAGATTATTATATTGAGCCTGACTACTGTTAGGTGGTATGTAAAATGCATTT
>HPV25_Beta_396948_nt6740_L1_Tile_rc|1
ACATTGAGTTACCTAGATTATTATATTGAGCCTGACTACTGTTAGGTGGTATGTAAAATG
>HPV25_Beta_396948_nt6975_L1_Tile_rc|1
CTCAAATATTCTGTAAATTTTTGAGAATTATAATCAGTGATTTTGGAAACATCTGTTCCA
>HPV25_Beta_396948_nt6980_L1_Tile_rc|1
CATGTCTCAAAATATTCTGTAAATTTTTGAGAATTATAATCAGTGATTTTGGAAACATCTG
>HPV25_Beta_396948_nt7030_L1_Tile_rc|1
CAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATAACTCATATTCTTCTACATGTCTCAA
>HPV25_Beta_396948_nt7035_L1_Tile_rc|1
GCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATAACTCATATTCTTCTACATGT
>HPV25_Beta_396948_nt7040_L1_Tile_rc|1
TTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATAACTCATATTCTTCTA
>HPV25_Beta_396948_nt7045_L1_Tile_rc|1
CAATATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATAACTCATATTC
>HPV25_Beta_396948_nt7050_L1_Tile_rc|1
TGAGCCAATATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATAACTCA
>HPV25_Beta_396948_nt7065_L1_Tile_rc|1
TTCATTGCATTAATCTGAGCCAATATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAAT
>HPV25_Beta_396948_nt7070_L1_Tile_rc|1
TGGAATTCATTGCATTAATCTGAGCCAATATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTT
>HPV25_Beta_396948_nt7075_L1_Tile_rc|1
AATGTTGGAATTCATTGCATTAATCTGAGCCAATATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCA
>HPV25_Beta_396948_nt7080_L1_Tile_rc|1

TCTAAAATGTTGGAATTCATTGCATTAATCTGAGCCAATATTTCTGCCTTCAACGGTACT
>HPV25_Beta_396948_nt7165_L1_Tile_rc|1
ACAACGTGTGGCTAAAGAATCAATGTAGCGATAAGTATCCTGAATAGAATTGTCCGGTGC
>HPV25_Beta_396948_nt7170_L1_Tile_rc|1
TCTGGACAACGTGTGGCTAAAGAATCAATGTAGCGATAAGTATCCTGAATAGAATTGTCC
>HPV25_Beta_396948_nt7175_L1_Tile_rc|1
TTTTATCTGGACAACGTGTGGCTAAAGAATCAATGTAGCGATAAGTATCCTGAATAGAAT
>HPV25_Beta_396948_nt7180_L1_Tile_rc|1
AGGATTTTTATCTGGACAACGTGTGGCTAAAGAATCAATGTAGCGATAAGTATCCTGAAT
>HPV25_Beta_396948_nt7384_L1_Tile_rc|1
CTAATTTTTACGTTTTCTTTTTATTCCCTAGTAGATATTCGGGAGGAACTGTTTTTGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5944_L1_Tile_rc|1
CTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTTTCGGTATCATCCAACCTATTAAACAAAGGAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5954_L1_Tile_rc|1
TTGTCACTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTTTCGGTATCATCCAACCTATTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5959_L1_Tile_rc|1
CCCTGTTGTCACTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTTTCGGTATCATCCAAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5964_L1_Tile_rc|1
ATTGTCCCTGTTGTCACTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTTTCGGTATCATC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5969_L1_Tile_rc|1
GAAACATTGTCCCTGTTGTCACTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTTTCGGTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5974_L1_Tile_rc|1
CAACTGAAACATTGTCCCTGTTGTCACTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5979_L1_Tile_rc|1
ATTATCAACTGAAACATTGTCCCTGTTGTCACTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6059_L1_Tile_rc|1
GTATTTTTACATATAGTGCCAATACCCCAGTGCTCTCCCAAGGGCGGTGTACAACCTATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6094_L1_Tile_rc|1
ATTCTAAGGGGGGGCAATCCCCACGTTGTGTCTGTGTATTTTTACATATAGTGCCAATAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6099_L1_Tile_rc|1
AATTAATTCTAAGGGGGGGCAATCCCCACGTTGTGTCTGTGTATTTTTACATATAGTGCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6104_L1_Tile_rc|1
CTGGAAATTAATTCTAAGGGGGGGCAATCCCCACGTTGTGTCTGTGTATTTTTACATATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6109_L1_Tile_rc|1
TAATGCTGGAAATTAATTCTAAGGGGGGGCAATCCCCACGTTGTGTCTGTGTATTTTTAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6114_L1_Tile_rc|1
CTCAATAATGCTGGAAATTAATTCTAAGGGGGGGCAATCCCCACGTTGTGTCTGTGTATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6354_L1_Tile_rc|1
ATACAAAGTGTTGGGTATAGCATCCCCAACAGCCCCCGCCTTATTATAAAAATGTCTGGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6359_L1_Tile_rc|1
TTAATATACAAAGTGTTGGGTATAGCATCCCCAACAGCCCCCGCCTTATTATAAAAATGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6364_L1_Tile_rc|1
CACCTTTAATATACAAAGTGTTGGGTATAGCATCCCCAACAGCCCCCGCCTTATTATAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6369_L1_Tile_rc|1
TTCAGCACCTTTAATATACAAAGTGTTGGGTATAGCATCCCCAACAGCCCCCGCCTTATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6379_L1_Tile_rc|1
CCCTGCCTGATTACAGCACCTTTAATATACAAAGTGTTGGGTATAGCATCCCCAACAGCCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6389_L1_Tile_rc|1
GTAGGGGGCTCCCTGCCTGATTACAGCACCTTTAATATACAAAGTGTTGGGTATAGCATCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6399_L1_Tile_rc|1
AATAGAAGATGTAGGGGGCTCCCTGCCTGATTACAGCACCTTTAATATACAAAGTGTTGGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6404_L1_Tile_rc|1
GAATAAATAGAAGATGTAGGGGGCTCCCTGCCTGATTACAGCACCTTTAATATACAAAGTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6409_L1_Tile_rc|1
TAGCAGAATAAATAGAAGATGTAGGGGGCTCCCTGCCTGATTACAGCACCTTTAATATACA

>HPV26_Alpha_9627305_nt6414_L1_Tile_rc|1
AGGTGTAGCAGAATAAATAGAAGATGTAGGGGGCTCCCTGCCTGATTAGCACCTTTAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6719_L1_Tile_rc|1
GCATTCATTAAATGTATGTAAGCCATAACATCTGTTGTAAGTGTTATTTTACACAACTGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6724_L1_Tile_rc|1
TGGAGGCATTCATTAAATGTATGTAAGCCATAACATCTGTTGTAAGTGTTATTTTACACA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6729_L1_Tile_rc|1
CAATATGGAGGCATTCATTAAATGTATGTAAGCCATAACATCTGTTGTAAGTGTTATTTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6739_L1_Tile_rc|1
TCCAATCCTCCAATATGGAGGCATTCATTAAATGTATGTAAGCCATAACATCTGTTGTAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6759_L1_Tile_rc|1
AGGTAAGGTTAGTCCAAAATTCCAATCCTCCAATATGGAGGCATTCATTAAATGTATGTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6974_L1_Tile_rc|1
CCTAGTTTCGGCCGCCGTTGTATGCCGGCCTGTAACATAAACTTACGCCCTAGTGGAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6979_L1_Tile_rc|1
TGGTGCCTAGTTTCGGCCGCCGTTGTATGCCGGCCTGTAACATAAACTTACGCCCTAGTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6984_L1_Tile_rc|1
ACGTTTGGTGCCTAGTTTCGGCCGCCGTTGTATGCCGGCCTGTAACATAAACTTACGCCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6989_L1_Tile_rc|1
AAGGGACGTTTGGTGCCTAGTTTCGGCCGCCGTTGTATGCCGGCCTGTAACATAAACTTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6994_L1_Tile_rc|1
AAGATAAGGGACGTTTGGTGCCTAGTTTCGGCCGCCGTTGTATGCCGGCCTGTAACATAA
>HPV27_Alpha_396964_nt5458_L1_Tile_rc|1
GGTATTAGCCAGGGAGCCGCGAGGGGCTGGGTAGTAATCGTCCAATGGCTGCAGGACATC
>HPV27_Alpha_396964_nt5468_L1_Tile_rc|1
CAGATACCGTGGTATTAGCCAGGGAGCCGCGAGGGGCTGGGTAGTAATCGTCCAATGGCT
>HPV27_Alpha_396964_nt5483_L1_Tile_rc|1
TAGATGCAGAGGAGGCAGATACCGTGGTATTAGCCAGGGAGCCGCGAGGGGCTGGGTAGT
>HPV27_Alpha_396964_nt5513_L1_Tile_rc|1
AGAGAGGGGCTGTAGTGGACCCTCGCAGTGTAGATGCAGAGGAGGCAGATACCGTGGTAT
>HPV27_Alpha_396964_nt5903_L1_Tile_rc|1
GGACACCTTAGGCACTGCCAACCTATTATTGCTACCCTTCTTTATAGAATAATATGGGTG
>HPV27_Alpha_396964_nt5918_L1_Tile_rc|1
ACGGTATTGGTAGCCGGACACCTTAGGCACTGCCAACCTATTATTGCTACCCTTCTTTAT
>HPV27_Alpha_396964_nt5923_L1_Tile_rc|1
AATACACGGTATTGGTAGCCGGACACCTTAGGCACTGCCAACCTATTATTGCTACCCTTC
>HPV27_Alpha_396964_nt6763_L1_Tile_rc|1
GCTTTATAATTAGTATTATCAGACACCTCAGCTGCACACAGAGAGACATTGGTACTCCGT
>HPV27_Alpha_396964_nt6773_L1_Tile_rc|1
AAAATTTCGTAGCTTTATAATTAGTATTATCAGACACCTCAGCTGCACACAGAGAGACATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt5881_L1_Tile_rc|1
GCGGACACTTTGGGCACATCTGCTTTGTTAGTGGATGATTTAGGAATGGGAAAATAAGGA
>HPV28_Alpha_1020202_nt5886_L1_Tile_rc|1
GAAAGGCGGACACTTTGGGCACATCTGCTTTGTTAGTGGATGATTTAGGAATGGGAAAAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt5891_L1_Tile_rc|1
ATACTGAAAGGCGGACACTTTGGGCACATCTGCTTTGTTAGTGGATGATTTAGGAATGGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt5901_L1_Tile_rc|1
GGAATACCTTATACTGAAAGGCGGACACTTTGGGCACATCTGCTTTGTTAGTGGATGATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6491_L1_Tile_rc|1
AATGGTGTCCCCAGCAACACCAGCTCTATTAAAAAATGCCGAGCGAAAAGTTGTTCCCTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6521_L1_Tile_rc|1
GCCCTGACCTTTAATATACAATGTTTCAGGAATGGTGTCCCCAGCAACACCAGCTCTATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6531_L1_Tile_rc|1
CCCTCCCGTTGCCCTGACCTTTAATATACAATGTTTCAGGAATGGTGTCCCCAGCAACAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6536_L1_Tile_rc|1

CACATCCCTCCCGTTGCCCTGACCTTTAATATACAATGTTTCAGGAATGGTGTCCCCAGC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6541_L1_Tile_rc|1
CCAATCACATCCCTCCCGTTGCCCTGACCTTTAATATACAATGTTTCAGGAATGGTGTCC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6546_L1_Tile_rc|1
CACTACCAATCACATCCCTCCCGTTGCCCTGACCTTTAATATACAATGTTTCAGGAATGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt6746_L1_Tile_rc|1
ATCGTACGTAGCTGAAGAGTCAGTAGAAACACACAACGTCATGTTTGTACTGCGTGTAGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6771_L1_Tile_rc|1
TTAAGTATTCCCTTAAATTTACTAGCATCGTACGTAGCTGAAGAGTCAGTAGAAACACACA
>HPV28_Alpha_1020202_nt6776_L1_Tile_rc|1
GTGCCTTAAGTATTCCCTTAAATTTACTAGCATCGTACGTAGCTGAAGAGTCAGTAGAAAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt6791_L1_Tile_rc|1
ATCGTACTCCTCCCGTGCCTTAAGTATTCCCTTAAATTTACTAGCATCGTACGTAGCTGA
>HPV28_Alpha_1020202_nt6796_L1_Tile_rc|1
TGCAAATCGTACTCCTCCCGTGCCTTAAGTATTCCCTTAAATTTACTAGCATCGTACGTA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7086_L1_Tile_rc|1
TTAAAAATTTCCCTTCCCAGAGGGAATTGCGATAGATCAAGAGAAAAGCGATCCTTAAGAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7106_L1_Tile_rc|1
GGCACCTACACCAACTGCATTAAAAATTTCCCTTCCCAGAGGGAATTGCGATAGATCAAG
>HPV28_Alpha_1020202_nt7156_L1_Tile_rc|1
GATCCTCTCGTGGTGGACGCTGGACGTTTGCGAACGGAGACACTGGAGCGGGCACCTACA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7186_L1_Tile_rc|1
TTTTTGGCGCGTTTTTCGTTTTGCAGCAGACGATCCTCTCGTGGTGGACGCTGGACGTTTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6329_L1_Tile_rc|1
GTCATTAACTCCAGGGGGGGCAATCACCAGCAGCGGAAGTAGTGCGTGACACACAGTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6334_L1_Tile_rc|1
GTGTGGTCATTAATCCAGGGGGGGCAATCACCAGCAGCGGAAGTAGTGCGTGACACACA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6339_L1_Tile_rc|1
AATATGTGTGGTCATTAATCCAGGGGGGGCAATCACCAGCAGCGGAAGTAGTGCGTGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6579_L1_Tile_rc|1
CAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGATTAAAGAAGTGCCTGGCAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6584_L1_Tile_rc|1
AAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGATTAAAGAAGTGCCTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6594_L1_Tile_rc|1
GTTACCCCTTAAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGATTAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6599_L1_Tile_rc|1
CCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6604_L1_Tile_rc|1
CTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6609_L1_Tile_rc|1
AGTTTCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6614_L1_Tile_rc|1
CCAGGAGTTTCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6624_L1_Tile_rc|1
TATGGCACTGCCAGGAGTTTCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6629_L1_Tile_rc|1
CTGTATATGGCACTGCCAGGAGTTTCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6829_L1_Tile_rc|1
TAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAGACTCTGTGGTAGCACACAACGACATATTGGTGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6834_L1_Tile_rc|1
CTTGGTAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAGACTCTGTGGTAGCACACAACGACATATT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6844_L1_Tile_rc|1
ATTCTTTAATCTTGGTAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAGACTCTGTGGTAGCACACA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6849_L1_Tile_rc|1
CAAATATTCTTTAATCTTGGTAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAGACTCTGTGGTAGC

>HPV29_Alpha_1020210_nt6854_L1_Tile_rc|1
TGTCTCAAATATTCTTTAATCTTGGTAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAGACTCTGTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6859_L1_Tile_rc|1
CCCCATGTCTCAAATATTCTTTAATCTTGGTAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAGACT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6959_L1_Tile_rc|1
TCTTCAAGTAAGGCACTGTTTCATAGTATGAAGGTAAGCCATAATTTTCAGGTGTCAATGTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6984_L1_Tile_rc|1
TGGCAATGTCAATCCAAAATTCCAGTCTTCAAGTAAGGCACTGTTTCATAGTATGAAGGTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7224_L1_Tile_rc|1
GGTGGTTCGTTTCGGCGCTTTCTGGAGGGGACTACTGAACGCCGGCGCGCACCGATCTGTAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7229_L1_Tile_rc|1
GCCGTGGTGGTTCGTTTCGGCGCTTTCTGGAGGGGACTACTGAACGCCGGCGCGCACCGATC
>HPV29_Alpha_1020210_nt7249_L1_Tile_rc|1
TTCGCTTTGCAGGGGTGGGGGCCGTGGTGGTTCGTTTCGGCGCTTTCTGGAGGGGACTACTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt7254_L1_Tile_rc|1
GCGTTTTTCGCTTTCAGGGGTGGGGGCCGTGGTGGTTCGTTTCGGCGCTTTCTGGAGGGGAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt7259_L1_Tile_rc|1
TTCGAGCGTTTTTCGCTTTCAGGGGTGGGGGCCGTGGTGGTTCGTTTCGGCGCTTTCTGGAG
>HPV30_Alpha_396973_L1_Tile_rc|1
GTTTTTGGAAATTACCAGCCTTAGAAATAGAATAATATGGATGTCCAACAGCAAGCAAACGT
>HPV30_Alpha_396973_L1_Tile_rc|1
CATCTGTTTTTGAATTACCAGCCTTAGAAATAGAATAATATGGATGTCCAACAGCAAGCA
>HPV30_Alpha_396973_nt6032_L1_Tile_rc|1
TGTTGTCCCTACTATCCTCTGCTGTATCCTGATTAGCTATAGTGGAACTTTCAGTGTCAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt6037_L1_Tile_rc|1
AGAAATGTTGTCCCTACTATCCTCTGCTGTATCCTGATTAGCTATAGTGGAACTTTCAGT
>HPV30_Alpha_396973_nt6042_L1_Tile_rc|2
TCAACAGAAATGTTGTCCCTACTATCCTCTGCTGTATCCTGATTAGCTATAGTGGAACTT
>HPV30_Alpha_396973_nt6047_L1_Tile_rc|1
TTGGATCAACAGAAATGTTGTCCCTACTATCCTCTGCTGTATCCTGATTAGCTATAGTGG
>HPV30_Alpha_396973_nt6087_L1_Tile_rc|1
ATAGCAGGAGTGCACCCAATAATACACAATTGGGTTTGCTTTGGATCAACAGAAATGTTG
>HPV30_Alpha_396973_nt6092_L1_Tile_rc|1
CTCCTATAGCAGGAGTGCACCCAATAATACACAATTGGGTTTGCTTTGGATCAACAGAAA
>HPV30_Alpha_396973_nt6097_L1_Tile_rc|1
ATGTTCTCCTATAGCAGGAGTGCACCCAATAATACACAATTGGGTTTGCTTTGGATCAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt6412_L1_Tile_rc|1
GCTAGGTAATTGTTTCACCAATAGCACCTGCCCTATTAAAGTAGTGCTAGCAAATAACTG
>HPV30_Alpha_396973_nt6447_L1_Tile_rc|1
GGATCCCTGTTATTTGTACCTTTTATATATAATGTGCTAGGTAATTGTTTCACCAATAGCA
>HPV30_Alpha_396973_nt6457_L1_Tile_rc|1
GCTTGGCGGGGGATCCCTGTTATTTGTACCTTTTATATATAATGTGCTAGGTAATTGTTTC
>HPV30_Alpha_396973_nt6462_L1_Tile_rc|2
ACTGAGCTTGGCGGGGGATCCCTGTTATTTGTACCTTTTATATATAATGTGCTAGGTAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt6467_L1_Tile_rc|1
CATATACTGAGCTTGGCGGGGGATCCCTGTTATTTGTACCTTTTATATATAATGTGCTAG
>HPV30_Alpha_396973_nt6472_L1_Tile_rc|1
AGCAACATATACTGAGCTTGGCGGGGGATCCCTGTTATTTGTACCTTTTATATATAATGT
>HPV30_Alpha_396973_nt6482_L1_Tile_rc|2
CACTAGGAGTAGCAACATATACTGAGCTTGGCGGGGGATCCCTGTTATTTGTACCTTTTA
>HPV30_Alpha_396973_nt6822_L1_Tile_rc|2
GCAGCTGGGGGTGACAATCCAATATTCCAGCCCTCAAGTAAAGTGGAGTTCATAGTATGT
>HPV30_Alpha_396973_nt6832_L1_Tile_rc|1
TAAGCTTGTGGCAGCTGGGGGTGACAATCCAATATTCCAGCCCTCAAGTAAAGTGGAGTT
>HPV30_Alpha_396973_nt7022_L1_Tile_rc|2

GTTTAGTACGAACCCCAAGTTGCATTAAAACTTTCTGCCCAGTGGGAATTGGTCAAGGT
>HPV30_Alpha_396973_nt7032_L1_Tile_rc|1
GTAGTAGAAGGTTTAGTACGAACCCCAAGTTGCATTAAAACTTTCTGCCCAGTGGGAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt7077_L1_Tile_rc|1
GATGGTGTAGAGGTAGAGGAAGTGGGGGCCGAGCGTTTTTTTAGTAGTAGTAGAAGGTTTA
>HPV30_Alpha_396973_nt7092_L1_Tile_rc|1
CGCTTGCGTTTGGCTGATGGTGTAGAGGTAGAGGAAGTGGGGGCCGAGCGTTTTTTAGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt5633_L1_Tile_rc|1
TGGCCTACTGTAAGCAGCCTAGCACTGCCTGCGTGATAATATATGTTGGTTCGTGTTACA
>HPV31_Alpha_333048_nt5668_L1_Tile_rc|1
TAGGATTGTCAGATTTAGGTATGGAATAATATGGATGGCCTACTGTAAGCAGCCTAGCAC
>HPV31_Alpha_333048_nt5673_L1_Tile_rc|1
TTTTTTTAGGATTGTCAGATTTAGGTATGGAATAATATGGATGGCCTACTGTAAGCAGCCT
>HPV31_Alpha_333048_nt5678_L1_Tile_rc|1
ACTATTTTTTTAGGATTGTCAGATTTAGGTATGGAATAATATGGATGGCCTACTGTAAGC
>HPV31_Alpha_333048_nt5683_L1_Tile_rc|1
GTACAACTATTTTTTTTAGGATTGTCAGATTTAGGTATGGAATAATATGGATGGCCTACTG
>HPV31_Alpha_333048_nt5688_L1_Tile_rc|1
CTTTGGTACAACCTATTTTTTTTAGGATTGTCAGATTTAGGTATGGAATAATATGGATGGCC
>HPV31_Alpha_333048_nt5693_L1_Tile_rc|1
GACACCTTTGGTACAACCTATTTTTTTTAGGATTGTCAGATTTAGGTATGGAATAATATGGA
>HPV31_Alpha_333048_nt5938_L1_Tile_rc|1
ATATACATTCCCTATTATCAGTGCCAGGACCACCGGCATATCTATTAGAGTTTTTCAGTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt5943_L1_Tile_rc|1
CATTGATATACATTCCCTATTATCAGTGCCAGGACCACCGGCATATCTATTAGAGTTTTTC
>HPV31_Alpha_333048_nt6028_L1_Tile_rc|1
TGTTACTACAAGGACTACCTTTACCCCAATGCTCTCCAATAGGTGGTTTGCAACCAAGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt6033_L1_Tile_rc|1
AGCATTGTTACTACAAGGACTACCTTTACCCCAATGCTCTCCAATAGGTGGTTTGCAACC
>HPV31_Alpha_333048_nt6038_L1_Tile_rc|1
GTAATAGCATTTGTTACTACAAGGACTACCTTTACCCCAATGCTCTCCAATAGGTGGTTTG
>HPV31_Alpha_333048_nt6043_L1_Tile_rc|1
CAGGGGTAATAGCATTTGTTACTACAAGGACTACCTTTACCCCAATGCTCTCCAATAGGTG
>HPV31_Alpha_333048_nt6063_L1_Tile_rc|1
TTCTAATGGAGGACAATCACCAGGGGTAATAGCATTTGTTACTACAAGGACTACCTTTACC
>HPV31_Alpha_333048_nt6338_L1_Tile_rc|1
CCGGAGCCTTTAATATATAAGTCAGTAGGGACCGATTACCAACCGTGCCTGATCTATTA
>HPV31_Alpha_333048_nt6353_L1_Tile_rc|1
AAAGTAGCTGTTGAACCGGAGCCTTTAATATATAAGTCAGTAGGGACCGATTACCAACC
>HPV31_Alpha_333048_nt6358_L1_Tile_rc|1
TAGCTAAAGTAGCTGTTGAACCGGAGCCTTTAATATATAAGTCAGTAGGGACCGATTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt6368_L1_Tile_rc|1
TATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGTTGAACCGGAGCCTTTAATATATAAGTCAGTAGGG
>HPV31_Alpha_333048_nt6373_L1_Tile_rc|1
GAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGTTGAACCGGAGCCTTTAATATATAAGTCAG
>HPV31_Alpha_333048_nt6378_L1_Tile_rc|1
TGTAGGAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGTTGAACCGGAGCCTTTAATATATAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6383_L1_Tile_rc|1
CTAGGTGTAGGAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGTTGAACCGGAGCCTTTAATA
>HPV31_Alpha_333048_nt6393_L1_Tile_rc|1
CATGGAGCCGCTAGGTGTAGGAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGTTGAACCGGA
>HPV31_Alpha_333048_nt6398_L1_Tile_rc|1
GTAACCATGGAGCCGCTAGGTGTAGGAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGTTGAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6403_L1_Tile_rc|1
CTGAAGTAACCATGGAGCCGCTAGGTGTAGGAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTG

>HPV31_Alpha_333048_nt6568_L1_Tile_rc|1
TACTTTTAAATGTAGTATCACTGTTTGCAATTGCAGCACAAACAGACATATTGGTACTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt6573_L1_Tile_rc|1
ATTACTACTTTTAAATGTAGTATCACTGTTTGCAATTGCAGCACAAACAGACATATTGGT
>HPV31_Alpha_333048_nt6578_L1_Tile_rc|1
TTAAAATTACTACTTTTAAATGTAGTATCACTGTTTGCAATTGCAGCACAAACAGACATA
>HPV31_Alpha_333048_nt6588_L1_Tile_rc|1
TAAATACTCTTTAAAATTACTACTTTTAAATGTAGTATCACTGTTTGCAATTGCAGCACAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6593_L1_Tile_rc|1
TGTCTTAAATACTCTTTAAAATTACTACTTTTAAATGTAGTATCACTGTTTGCAATTGCA
>HPV31_Alpha_333048_nt6768_L1_Tile_rc|1
CTGTGAGGTGACAAACCTATAGGTATCCTCCAAAGAACCTGAGGGAGGTGTGGTCAATCC
>HPV31_Alpha_333048_nt6828_L1_Tile_rc|1
ATAATCTTTAAATGGATCTTCCTTGGGCTTTTGGGGGGCAGTTTTTTGACATGTAATGGC
>HPV31_Alpha_333048_nt6948_L1_Tile_rc|1
TTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATATCCTGCCTGTAATAAAAAATTTGCGACC
>HPV31_Alpha_333048_nt6953_L1_Tile_rc|1
CTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATATCCTGCCTGTAATAAAAAATTTG
>HPV31_Alpha_333048_nt6958_L1_Tile_rc|1
GTGCACTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATATCCTGCCTGTAATAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6963_L1_Tile_rc|1
TGAGGGTGCACCTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATATCCTGCCTGTAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6973_L1_Tile_rc|1
TGGTAGATGCTGAGGGTGCACTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATATC
>HPV31_Alpha_333048_nt6983_L1_Tile_rc|1
GCTGGTGTAGTGGTAGATGCTGAGGGTGCACTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAGGACGT
>HPV31_Alpha_333048_nt6988_L1_Tile_rc|1
GTTTTGCTGGTGTAGTGGTAGATGCTGAGGGTGCACTACGTTTACCTGCTTTAAATTTAG
>HPV31_Alpha_333048_nt7003_L1_Tile_rc|1
TTTTAGTTTTTTTACGTTTTGCTGGTGTAGTGGTAGATGCTGAGGGTGCACTACGTTTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5988_L1_Tile_rc|1
TTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAATATGGATGCCCAACAGCCAAAAGCCTAGAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5993_L1_Tile_rc|1
AGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAATATGGATGCCCAACAGCCAAAAGCCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5998_L1_Tile_rc|1
GGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAATATGGATGCCCAACAGCCAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6003_L1_Tile_rc|1
CCTTTGGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAATATGGATGCCCAACAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6008_L1_Tile_rc|1
AGACACCTTTGGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAATATGGATGCCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6013_L1_Tile_rc|1
AATCCAGACACCTTTGGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAATATGGA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6018_L1_Tile_rc|1
ACTGCAATCCAGACACCTTTGGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6023_L1_Tile_rc|1
TCTATACTGCAATCCAGACACCTTTGGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6038_L1_Tile_rc|1
CCTAACCCCTAAATACTCTATACTGCAATCCAGACACCTTTGGAATAGATGTTCTATTGGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6263_L1_Tile_rc|1
ACAATCCATAGATACATTTTCTCTATTATCAGTTCCAGGCCCTGCAGCATATCTAGGCCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6338_L1_Tile_rc|1
AGAGCAAGCAGCACCCCTTACCCCAATGCTCGCCAATGGCAGGTTTACAACCCACCAAACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6358_L1_Tile_rc|1
CAGTCGCCATTTGATTGTGCAGAGCAAGCAGCACCCCTTACCCCAATGCTCGCCAATGGCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6378_L1_Tile_rc|1

TTTGTAATTCCAAAGGTGGGCAGTCGCCATTTGATTGTGCAGAGCAAGCAGCACCCCTTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6453_L1_Tile_rc|1
TTGAAGTTTGCAAAGCACTAAAGTCCATTGCTCCAAACCCTACATCTGCCATATCACCAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6458_L1_Tile_rc|1
AGCTTTTGAAGTTTGCAAAGCACTAAAGTCCATTGCTCCAAACCCTACATCTGCCATATC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6483_L1_Tile_rc|1
AGTTCATAATATCTAATGGCACCTCAGCTTTTGAAGTTTGCAAAGCACTAAAGTCCATTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6488_L1_Tile_rc|1
AATGGAGTTCATAATATCTAATGGCACCTCAGCTTTTGAAGTTTGCAAAGCACTAAAGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6648_L1_Tile_rc|1
CATTAGAAGCTTTTATATACATGTCTCAGGAACAGGTTACCAAGGGTTCCTGCCCTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6653_L1_Tile_rc|1
AGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCTCAGGAACAGGTTACCAAGGGTTCCTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6658_L1_Tile_rc|1
CCAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCTCAGGAACAGGTTACCAAGGGTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6668_L1_Tile_rc|1
ATTATTTCTGCCAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCTCAGGAACAGGTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6673_L1_Tile_rc|1
GCTAAATTATTTCTGCCAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCTCAGGAACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6678_L1_Tile_rc|1
TACTAGCTAAATTATTTCTGCCAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCTCAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6683_L1_Tile_rc|1
AATACTACTAGCTAAATTATTTCTGCCAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6888_L1_Tile_rc|1
AGTTAGTAGACTTGTATGTGTCTTCAGTTGTTACAGTAGCACACACAGTCATGTTAGTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6893_L1_Tile_rc|1
CTTAAAGTTAGTAGACTTGTATGTGTCTTCAGTTGTTACAGTAGCACACACAGTCATGTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6898_L1_Tile_rc|1
TATTCCTTAAAGTTAGTAGACTTGTATGTGTCTTCAGTTGTTACAGTAGCACACACAGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6903_L1_Tile_rc|1
GTAGATATTCCTTAAAGTTAGTAGACTTGTATGTGTCTTCAGTTGTTACAGTAGCACACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6908_L1_Tile_rc|1
ATGGCGTAGATATTCCTTAAAGTTAGTAGACTTGTATGTGTCTTCAGTTGTTACAGTAGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7008_L1_Tile_rc|1
CTAGTATGTCAGGATTCATGGTGTGGATATATGACATAACCTCTACAGATAATGTAATTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7038_L1_Tile_rc|1
GCGGTGGAGCTACACCAACATTCCAATCGTCTAGTATGTCAGGATTCATGGTGTGGATAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7113_L1_Tile_rc|1
GTGCTGTTACCTTAGCTTGACATCGTATGGCCTGAGACTGCACAAATCTATAACTATCTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7273_L1_Tile_rc|1
GATGCTGTTTCGTTTACTGCTGTAAGTTTAGGTCTTGACGTAACCCAGCTTGCAGTAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7278_L1_Tile_rc|1
TGGAAGATGCTGTTTCGTTTACTGCTGTAAGTTTAGGTCTTGACGTAACCCAGCTTGCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7283_L1_Tile_rc|1
TTGACTGGAAGATGCTGTTTCGTTTACTGCTGTAAGTTTAGGTCTTGACGTAACCCAGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7288_L1_Tile_rc|1
GACTTTTGACTGGAAGATGCTGTTTCGTTTACTGCTGTAAGTTTAGGTCTTGACGTAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7298_L1_Tile_rc|1
AGGAGAAGAAGACTTTTACTGGAAGATGCTGTTTCGTTTACTGCTGTAAGTTTAGGTCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7325_L1_Tile_rc|1
TTATTTACGTGTTTTCTGCGTTTTGCAGGAGAAGAAGACTTTTACTGGAAGATGCTGT
>HPV33_Alpha_333049_nt5725_L1_Tile_rc|1
GTACCAATAATTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTTAATAGAAAAATATGGATGGCCAACAG
>HPV33_Alpha_333049_nt5730_L1_Tile_rc|1
TTTGGGTACCAATAATTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTTAATAGAAAAATATGGATGGCC

>HPV33_Alpha_333049_nt5735_L1_Tile_rc|1
GATACTTTGGGTACCAATAATTTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTAAATAGAAAAATATGGA
>HPV33_Alpha_333049_nt5740_L1_Tile_rc|1
AGCCTGATACTTTGGGTACCAATAATTTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTAAATAGAAAAAT
>HPV33_Alpha_333049_nt5745_L1_Tile_rc|1
TTGCAAGCCTGATACTTTGGGTACCAATAATTTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTAAATAGA
>HPV33_Alpha_333049_nt5750_L1_Tile_rc|1
CTATATTGCAAGCCTGATACTTTGGGTACCAATAATTTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTAA
>HPV33_Alpha_333049_nt6385_L1_Tile_rc|1
CAGTAGTTCTTGAACCTTTAATGTACAGGTCATCGGGAACAGCCTCTCCTAATGTACCAG
>HPV33_Alpha_333049_nt6390_L1_Tile_rc|1
AGAGGCAGTAGTTCCTGAACCTTTAATGTACAGGTCATCGGGAACAGCCTCTCCTAATGT
>HPV33_Alpha_333049_nt6395_L1_Tile_rc|1
TGAATAGAGGCAGTAGTTCCTGAACCTTTAATGTACAGGTCATCGGGAACAGCCTCTCCT
>HPV33_Alpha_333049_nt6400_L1_Tile_rc|1
TGCTTTGAATAGAGGCAGTAGTTCCTGAACCTTTAATGTACAGGTCATCGGGAACAGCCT
>HPV33_Alpha_333049_nt6405_L1_Tile_rc|1
AGCACTGCTTTGAATAGAGGCAGTAGTTCCTGAACCTTTAATGTACAGGTCATCGGGAAC
>HPV33_Alpha_333049_nt6865_L1_Tile_rc|1
TATATTTACCTAAGGGGTCTTCCTTTTCCTTTGGAGGTACTGTTTTTTGACACGTAATAG
>HPV33_Alpha_333049_nt6995_L1_Tile_rc|1
GTGGATGTGGGGCTGCACGTTTAAAGTTTAGGTTTTGCTTTAAGACCTGCCTGTAATAAA
>HPV33_Alpha_333049_nt7000_L1_Tile_rc|1
TGCGGGTGGATGTGGGGCTGCACGTTTAAAGTTTAGGTTTTGCTTTAAGACCTGCCTGTA
>HPV33_Alpha_333049_nt7010_L1_Tile_rc|1
GCAGACGATGTGCGGGTGGATGTGGGGCTGCACGTTTAAAGTTTAGGTTTTGCTTTAAGA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5616_L1_Tile_rc|1
TTCCCATAGTATCCTTTATAGGATAATAGGGATGTCCTACTGCCAGCAAGCGTGTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5626_L1_Tile_rc|1
AATCTTACGTTTCCCATAGTATCCTTTATAGGATAATAGGGATGTCCTACTGCCAGCAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5631_L1_Tile_rc|1
ACAGCAATCTTACGTTTCCCATAGTATCCTTTATAGGATAATAGGGATGTCCTACTGCC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5636_L1_Tile_rc|1
TAGGTACAGCAATCTTACGTTTCCCATAGTATCCTTTATAGGATAATAGGGATGTCCTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5646_L1_Tile_rc|1
CCTGAAACTTTAGGTACAGCAATCTTACGTTTCCCATAGTATCCTTTATAGGATAATAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5866_L1_Tile_rc|1
TATGTTTCCACCAATATATTTTGCAGCATTTTCAGTATCCTCAAGTTTATTCATAAAAGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5876_L1_Tile_rc|1
TACTATCTGCTATGTTTCCACCAATATATTTTGCAGCATTTTCAGTATCCTCAAGTTTAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5881_L1_Tile_rc|1
CTCCCTACTATCTGCTATGTTTCCACCAATATATTTTGCAGCATTTTCAGTATCCTCAAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5886_L1_Tile_rc|1
ATACACTCCCTACTATCTGCTATGTTTCCACCAATATATTTTGCAGCATTTTCAGTATCC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5901_L1_Tile_rc|1
TTATAATCTACTGACATACACTCCCTACTATCTGCTATGTTTCCACCAATATATTTTGCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6011_L1_Tile_rc|1
TTAATTCAAGCGGAGGACATTCCCCAGCATTTTGGGTACCACATGGTGTGCCTGTACCCC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6016_L1_Tile_rc|1
GTTCTTTAATTCAAGCGGAGGACATTCCCCAGCATTTTGGGTACCACATGGTGTGCCTGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6026_L1_Tile_rc|1
GTATAGTGGTGTCTTTAATTCAAGCGGAGGACATTCCCCAGCATTTTGGGTACCACATG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6266_L1_Tile_rc|1
TTAAGTCATCTGGAATAGCATCGCCTACGTACCTGCCCTGTTAAATAGGTGTCTAACAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6276_L1_Tile_rc|1

CCCTTAATCATTAAGTCATCTGGAATAGCATCGCCTACAGTACCTGCCCTGTTAAATAGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6281_L1_Tile_rc|1
CTGTACCCTTAATCATTAAGTCATCTGGAATAGCATCGCCTACAGTACCTGCCCTGTTAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6506_L1_Tile_rc|1
GTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGTACCTACACAACTGAAAAGTTTGTGCTTCTAGTAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6511_L1_Tile_rc|1
ATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGTACCTACACAACTGAAAAGTTTGTGCTTCT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6516_L1_Tile_rc|1
TTTGCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGTACCTACACAACTGAAAAGTTTGTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt6536_L1_Tile_rc|1
GGTATTCCCTTAAATTAAGTGTGTTTGCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGTACCTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6541_L1_Tile_rc|1
TCTGAGGTATTCCCTTAAATTAAGTGTGTTTGCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6546_L1_Tile_rc|1
GCATGTCTGAGGTATTCCCTTAAATTAAGTGTGTTTGCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6936_L1_Tile_rc|1
TTCTTAGGTGCTGTACTAGATGATGAAGGTGCAGACCGTTTAGAGGCCTGTAACCTAGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt5690_L1_Tile_rc|1
TATTAGAATCTTGTGTTTTTAATAGCATAGTATGGGTGACCCACAGCTAATAGCCTAGAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt5695_L1_Tile_rc|1
TATTTTATTAGAATCTTGTGTTTTTAATAGCATAGTATGGGTGACCCACAGCTAATAGCCT
>HPV35_Alpha_333050_nt5700_L1_Tile_rc|1
ACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTGTTTTTAATAGCATAGTATGGGTGACCCACAGCTAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt5710_L1_Tile_rc|1
TACCTTGGGTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTGTTTTTAATAGCATAGTATGGGTGACC
>HPV35_Alpha_333050_nt5720_L1_Tile_rc|1
GCAAACCAGATACCTTGGGTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTGTTTTTAATAGCATAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt5725_L1_Tile_rc|1
GTATTGCAAACCAGATACCTTGGGTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTGTTTTTAATAGC
>HPV35_Alpha_333050_nt5730_L1_Tile_rc|1
ACTCTGTATTGCAAACCAGATACCTTGGGTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTGTTTTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5735_L1_Tile_rc|1
TAAATACTCTGTATTGCAAACCAGATACCTTGGGTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt5955_L1_Tile_rc|1
CTGTTATCTGTACCAGAGTTACCAGAGTTACCAACATATTTATTAAGATTTTCAGTATCA
>HPV35_Alpha_333050_nt5960_L1_Tile_rc|1
ATTCCTGTATCTGTACCAGAGTTACCAGAGTTACCAACATATTTATTAAGATTTTCAG
>HPV35_Alpha_333050_nt5970_L1_Tile_rc|1
ATAGAAATGCATTCCTGTATCTGTACCAGAGTTACCAGAGTTACCAACATATTTATTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6085_L1_Tile_rc|1
AGGAGGACATTCTCCTGCTTTTACCTGGTTAGCATTACAAGGTGTGCCTTTTCCCCAATG
>HPV35_Alpha_333050_nt6090_L1_Tile_rc|1
TCCAAAGGAGGACATTCTCCTGCTTTTACCTGGTTAGCATTACAAGGTGTGCCTTTTCCC
>HPV35_Alpha_333050_nt6095_L1_Tile_rc|1
GTAACCTCAAAGGAGGACATTCTCCTGCTTTTACCTGGTTAGCATTACAAGGTGTGCCTT
>HPV35_Alpha_333050_nt6100_L1_Tile_rc|1
GTTTAGTAACCTCAAAGGAGGACATTCTCCTGCTTTTACCTGGTTAGCATTACAAGGTGT
>HPV35_Alpha_333050_nt6105_L1_Tile_rc|1
ACAGTGTTTAGTAACCTCAAAGGAGGACATTCTCCTGCTTTTACCTGGTTAGCATTACAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6110_L1_Tile_rc|1
GTAGTACAGTGTTTAGTAACCTCAAAGGAGGACATTCTCCTGCTTTTACCTGGTTAGCAT
>HPV35_Alpha_333050_nt6140_L1_Tile_rc|1
CAAATCCTGTGTCTACCATGTCCCGTCTTGTAGTACAGTGTTTAGTAACCTCAAAGGAG
>HPV35_Alpha_333050_nt6200_L1_Tile_rc|1
TGCATATATCTAGGGGAACATCACTTTTATTAGCTTGTAAATGTAGTAAAATCCATTGCAC

>HPV35_Alpha_333050_nt6205_L1_Tile_rc|1
GGAAGTGCATATATCTAGGGGAACATCACTTTTATTAGCTTGTAATGTAGTAAAATCCAT
>HPV35_Alpha_333050_nt6210_L1_Tile_rc|1
CAAATGGAAGTGCATATATCTAGGGGAACATCACTTTTATTAGCTTGTAATGTAGTAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6375_L1_Tile_rc|1
AATGTGCCAGTGGTACCCTTAATATATAGGTCTGCAGGTACTGTTTCACCTACAGTTCCA
>HPV35_Alpha_333050_nt6380_L1_Tile_rc|1
TAGGCAATGTGCCAGTGGTACCCTTAATATATAGGTCTGCAGGTACTGTTTCACCTACAG
>HPV35_Alpha_333050_nt6395_L1_Tile_rc|1
GAAAATAACTAGTACTAGGCAATGTGCCAGTGGTACCCTTAATATATAGGTCTGCAGGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6405_L1_Tile_rc|1
CTAGGAGTAGGAAAATAACTAGTACTAGGCAATGTGCCAGTGGTACCCTTAATATATAGG
>HPV35_Alpha_333050_nt6410_L1_Tile_rc|1
AGCCACTAGGAGTAGGAAAATAACTAGTACTAGGCAATGTGCCAGTGGTACCCTTAATAT
>HPV35_Alpha_333050_nt6570_L1_Tile_rc|1
CTAGAAGACACAGCAGAACACACAGACATATTTGTACTACGGGTTGTATCAACTACAGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6575_L1_Tile_rc|1
TGTCACTAGAAGACACAGCAGAACACACAGACATATTTGTACTACGGGTTGTATCAACTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6580_L1_Tile_rc|1
TGTACTGTCACTAGAAGACACAGCAGAACACACAGACATATTTGTACTACGGGTTGTATC
>HPV35_Alpha_333050_nt6710_L1_Tile_rc|1
TGGACGGGTTTCATCTATGAATATATGTCATAACATCTGCTGTTAGTGTTATTTTACATA
>HPV35_Alpha_333050_nt6815_L1_Tile_rc|1
CACTGGGTTTTTTGACAAGTTACAGCCTGTGATGTTACATAGCGATATGTGTCCTCTAAGG
>HPV35_Alpha_333050_nt6840_L1_Tile_rc|1
AATGGATCATCTTTAGGTTTTTGGTGCCTGGGTTTTTTGACAAGTTACAGCCTGTGATGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt6970_L1_Tile_rc|1
CCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTAACAAAAATTTACGGCC
>HPV35_Alpha_333050_nt6980_L1_Tile_rc|1
GAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTAACAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6985_L1_Tile_rc|1
TGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6990_L1_Tile_rc|1
GTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCT
>HPV35_Alpha_333050_nt6995_L1_Tile_rc|1
TAGATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTC
>HPV35_Alpha_333050_nt7000_L1_Tile_rc|1
TTTTTTTAGATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTGGCCTT
>HPV35_Alpha_333050_nt7005_L1_Tile_rc|1
GAAGATTTTTTTAGATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAGGCCTG
>HPV35_Alpha_333050_nt7010_L1_Tile_rc|1
TAGTAGAAGATTTTTTTAGATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAATTAG
>HPV35_Alpha_333050_nt7015_L1_Tile_rc|1
ACGTTTGTAGTAGAAGATTTTTTTAGATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt7025_L1_Tile_rc|1
TTACTTTTCTACGTTTGTAGTAGAAGATTTTTTTAGATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGC
>HPV36_Beta_1020218_nt5967_L1_Tile_rc|1
AGTCAGTAGTCTGTCGCTGAATGCATGATAATAAATATTTGTCCTTTGTATATATTCATC
>HPV36_Beta_1020218_nt5972_L1_Tile_rc|1
CCTACAGTCAGTAGTCTGTCGCTGAATGCATGATAATAAATATTTGTCCTTTGTATATAT
>HPV36_Beta_1020218_nt5987_L1_Tile_rc|1
TTGAAGTATGGATGGCCTACAGTCAGTAGTCTGTCGCTGAATGCATGATAATAAATATTT
>HPV36_Beta_1020218_nt6022_L1_Tile_rc|2
GGACTTCTAATTTGTTACCAGTAATATCGTAAACATTGAAGTATGGATGGCCTACAGTCA
>HPV36_Beta_1020218_nt6027_L1_Tile_rc|1

TTTAGGGACTTCTAATTTGTTACCAGTAATATCGTAAACATTGAAGTATGGATGGCCTAC
>HPV36_Beta_1020218_nt6047_L1_Tile_rc|1
CTGTGTTGGTTACCAGACACTTTAGGGACTTCTAATTTGTTACCAGTAATATCGTAAACA
>HPV36_Beta_1020218_nt6062_L1_Tile_rc|2
TTCAAGCGAAAAACCCTGTGTTGGTTACCAGACACTTTAGGGACTTCTAATTTGTTACCA
>HPV36_Beta_1020218_nt6387_L1_Tile_rc|1
GCATAGTCTGTTGTCCTGGCGCTCCTTTTCACAAGGTATAGCCTTGTCCCAATGTTCCACC
>HPV36_Beta_1020218_nt6397_L1_Tile_rc|1
CAATTGGTGGGCATAGTCTGTTGTCCTGGCGCTCCTTTTCACAAGGTATAGCCTTGTCCC
>HPV36_Beta_1020218_nt6402_L1_Tile_rc|2
CAATTCAATTGGTGGGCATAGTCTGTTGTCCTGGCGCTCCTTTTCACAAGGTATAGCCTT
>HPV36_Beta_1020218_nt6407_L1_Tile_rc|1
GTTTTCAATTCAATTGGTGGGCATAGTCTGTTGTCCTGGCGCTCCTTTTCACAAGGTATA
>HPV36_Beta_1020218_nt6427_L1_Tile_rc|1
CGCCATCTTCTATATAAGTAGTTTTCAATTCAATTGGTGGGCATAGTCTGTTGTCCTGGC
>HPV36_Beta_1020218_nt6487_L1_Tile_rc|1
CTGACCTACTCTCTTGCAGATTTTTGAAGTTTAAATTTCCAAAACCTATATCTGCCATGT
>HPV36_Beta_1020218_nt6492_L1_Tile_rc|1
TACATCTGACCTACTCTCTTGCAGATTTTTGAAGTTTAAATTTCCAAAACCTATATCTGC
>HPV36_Beta_1020218_nt6497_L1_Tile_rc|1
AAACTTACATCTGACCTACTCTCTTGCAGATTTTTGAAGTTTAAATTTCCAAAACCTATA
>HPV36_Beta_1020218_nt6502_L1_Tile_rc|2
TATCCAAACTTACATCTGACCTACTCTCTTGCAGATTTTTGAAGTTTAAATTTCCAAAAC
>HPV36_Beta_1020218_nt6687_L1_Tile_rc|1
AAACTGATTCTTAAAGTCCATTATCAATTCTGGCGTCAGGGATGTCGTCACCCGTTTT
>HPV36_Beta_1020218_nt6692_L1_Tile_rc|1
ATGAAAACTGATTCTTAAAGTCCATTATCAATTCTGGCGTCAGGGATGTCGTCACCC
>HPV36_Beta_1020218_nt6707_L1_Tile_rc|1
CCGTCAGCCCCAGGAATGAAAACTGATTCTTAAAGTCCATTATCAATTCTGGCGTCA
>HPV36_Beta_1020218_nt6927_L1_Tile_rc|1
TAGTGCCCCATTATTGTTATATATTGAAATACTAAAGTTAGTATTTTCGTGTGTTGTCTAC
>HPV36_Beta_1020218_nt6942_L1_Tile_rc|2
ATCATTGATGTCCTTTAGTGCCCCATTATTGTTATATATTGAAATACTAAAGTTAGTATT
>HPV36_Beta_1020218_nt6947_L1_Tile_rc|1
GTGTAATCATTGATGTCCTTTAGTGCCCCATTATTGTTATATATTGAAATACTAAAGTTA
>HPV36_Beta_1020218_nt6952_L1_Tile_rc|1
CTGCAGTGTAATCATTGATGTCCTTTAGTGCCCCATTATTGTTATATATTGAAATACTAA
>HPV36_Beta_1020218_nt6962_L1_Tile_rc|2
CTAAATTGCTCTGCAGTGTAATCATTGATGTCCTTTAGTGCCCCATTATTGTTATATATT
>HPV36_Beta_1020218_nt6967_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTAAATTGCTCTGCAGTGTAATCATTGATGTCCTTTAGTGCCCCATTATTGTTAT
>HPV36_Beta_1020218_nt6987_L1_Tile_rc|1
TTCCTCCACGTGCCTTTGATATTCTCTAAATTGCTCTGCAGTGTAATCATTGATGTCCTT
>HPV36_Beta_1020218_nt7152_L1_Tile_rc|1
TAATGAATCAATATATCGATAGGTGTCTGAATAGGGTTATCTGGAGTAGGTACAAAACC
>HPV36_Beta_1020218_nt7162_L1_Tile_rc|2
AGCGAGTGGCTAATGAATCAATATATCGATAGGTGTCTTGAATAGGGTTATCTGGAGTAG
>HPV36_Beta_1020218_nt7167_L1_Tile_rc|1
AGGACAGCGAGTGGCTAATGAATCAATATATCGATAGGTGTCTTGAATAGGGTTATCTGG
>HPV36_Beta_1020218_nt7242_L1_Tile_rc|2
CCGTTCAAGATCCACATCCAGAAGTTTAAACCCCTTGAGGGATCCTCTTTTTCCCTT
>HPV36_Beta_1020218_nt7252_L1_Tile_rc|1
CTAGTGACAACCGTTCAGTAAGATCCACATCCAGAAGTTTAAACCCCTTGAGGGATCCT
>HPV36_Beta_1020218_nt7257_L1_Tile_rc|1
CAAATCTAGTGACAACCGTTCAGTAAGATCCACATCCAGAAGTTTAAACCCCTTGAGGG

>HPV36_Beta_1020218_nt7382_L1_Tile_rc|2
TACTGTTTTTCGCTTGCGCTTGGTTCCCTCTGGTGAACCCTCGATAAGACACTGATTTTGTA
>HPV36_Beta_1020218_nt7383_L1_Tile_rc|1
TTACTGTTTTTCGCTTGCGCTTGGTTCCCTCTGGTGAACCCTCGATAAGACACTGATTTTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt6027_L1_Tile_rc|1
ATAAAGGGTGACCTGTCGTTCCCTACTCCAAGTGGTTGCCCTCGGCCTATCTCCAAGCCCG
>HPV37_Beta_1020226_nt6082_L1_Tile_rc|2
TCCCGTGACCCCCCTTGGTAATTACTATTATTCTCAGTGTCCCTTAATTTATTAAATAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6087_L1_Tile_rc|1
TATCATCCCCGTGACCCCCCTTGGTAATTACTATTATTCTCAGTGTCCCTTAATTTATTAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6092_L1_Tile_rc|1
TTGTCTATCATCCCCGTGACCCCCCTTGGTAATTACTATTATTCTCAGTGTCCCTTAATTT
>HPV37_Beta_1020226_nt6097_L1_Tile_rc|1
GTGTTTTGTCTATCATCCCCGTGACCCCCCTTGGTAATTACTATTATTCTCAGTGTCCCTT
>HPV37_Beta_1020226_nt6102_L1_Tile_rc|2
ATGATGTGTTTTGTCTATCATCCCCGTGACCCCCCTTGGTAATTACTATTATTCTCAGTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt6107_L1_Tile_rc|1
ATCAAATGATGTGTTTTGTCTATCATCCCCGTGACCCCCCTTGGTAATTACTATTATTCTC
>HPV37_Beta_1020226_nt6227_L1_Tile_rc|1
TTCAAGTGGTGGACACTGTCCTGTCTGATTATTTTCCTCTGATGCACAACTGGTGCTTT
>HPV37_Beta_1020226_nt6232_L1_Tile_rc|1
TTTAATTCAAGTGGTGGACACTGTCCTGTCTGATTATTTTCCTCTGATGCACAACTGGT
>HPV37_Beta_1020226_nt6247_L1_Tile_rc|1
TCAATCACTGTGTTTTTTTAATTCAAGTGGTGGACACTGTCCTGTCTGATTATTTTCCTCT
>HPV37_Beta_1020226_nt6312_L1_Tile_rc|1
ATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAATATTTCCGAACCCTATATCAAACATGTCCC
>HPV37_Beta_1020226_nt6317_L1_Tile_rc|1
ATCTGATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAATATTTCCGAACCCTATATCAAACAT
>HPV37_Beta_1020226_nt6322_L1_Tile_rc|2
CTAACATCTGATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAATATTTCCGAACCCTATATCA
>HPV37_Beta_1020226_nt6327_L1_Tile_rc|1
CTAAACTAACATCTGATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAATATTTCCGAACCCTA
>HPV37_Beta_1020226_nt6332_L1_Tile_rc|1
TATATCTAAACTAACATCTGATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAATATTTCCGAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6337_L1_Tile_rc|1
TTTACTATATCTAAACTAACATCTGATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAATATTT
>HPV37_Beta_1020226_nt6342_L1_Tile_rc|2
TTTCATTTACTATATCTAAACTAACATCTGATTTATTAGTAGAGAGAACCTTATTGTTAA
>HPV37_Beta_1020226_nt6527_L1_Tile_rc|1
GTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATATTTGTGGTCCTGATTAACAGTGCCATCGGGAATAGC
>HPV37_Beta_1020226_nt6532_L1_Tile_rc|1
TGCTGGTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATATTTGTGGTCCTGATTAACAGTGCCATCGGGA
>HPV37_Beta_1020226_nt6542_L1_Tile_rc|2
CAGATACTGCTGCTGGTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATATTTGTGGTCCTGATTAACAGT
>HPV37_Beta_1020226_nt6547_L1_Tile_rc|1
CCTAACAGATACTGCTGCTGGTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATATTTGTGGTCCTGATTA
>HPV37_Beta_1020226_nt6552_L1_Tile_rc|1
AATTGCCCTAACAGATACTGCTGCTGGTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATATTTGTGGTCCT
>HPV37_Beta_1020226_nt6562_L1_Tile_rc|2
AAATAGGTAGAATTGCCTAACAGATACTGCTGCTGGTCTGATTTGGCAGGTAAGTAATAT
>HPV37_Beta_1020226_nt6567_L1_Tile_rc|1
TGGGAAAATAGGTAGAATTGCCTAACAGATACTGCTGCTGGTCTGATTTGGCAGGTAAGT
>HPV37_Beta_1020226_nt6572_L1_Tile_rc|1
AACAGTGGGAAAATAGGTAGAATTGCCTAACAGATACTGCTGCTGGTCTGATTTGGCAGG
>HPV37_Beta_1020226_nt6577_L1_Tile_rc|1

CCACTAACAGTGGGAAAATAGGTAGAATTGCCTAACAGATACTGCTGCTGGTCTGATTTG
>HPV37_Beta_1020226_nt6972_L1_Tile_rc|1
ACTTGGTAGCCTTTGAATTAATGTACCTATAAAGGTCATGTACTGAATTATCTGGAGTAG
>HPV37_Beta_1020226_nt7112_L1_Tile_rc|1
CAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCTCCCTAAAGGATATTGATCTAAATCCAATGATAA
>HPV37_Beta_1020226_nt7122_L1_Tile_rc|2
GTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCTCCCTAAAGGATATTGATCTAAAT
>HPV37_Beta_1020226_nt7127_L1_Tile_rc|1
TCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCTCCCTAAAGGATATTGATC
>HPV37_Beta_1020226_nt7132_L1_Tile_rc|1
ACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCTCCCTAAAGGATAT
>HPV37_Beta_1020226_nt7137_L1_Tile_rc|1
ATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCTCCCTAAAG
>HPV37_Beta_1020226_nt7142_L1_Tile_rc|2
AGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCTCCCT
>HPV37_Beta_1020226_nt7147_L1_Tile_rc|1
TTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGAATTTCT
>HPV37_Beta_1020226_nt7152_L1_Tile_rc|1
ACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAAGATGA
>HPV37_Beta_1020226_nt7157_L1_Tile_rc|1
TTTAGACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATCCCGACTGAAA
>HPV37_Beta_1020226_nt7167_L1_Tile_rc|1
GCTTTGTACCTTTAGACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTGCAATC
>HPV37_Beta_1020226_nt7172_L1_Tile_rc|1
TTTACGCTTTGTACCTTTAGACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGGTCTACTTTG
>HPV37_Beta_1020226_nt7181_L1_Tile_rc|1
TCACGACCGTTTACGCTTTGTACCTTTAGACACTTTTACAGACGATCGAACAATTCTAGG
>HPV38_Beta_1020234_nt6352_L1_Tile_rc|1
CACAAAAAGAAGCAGGAATCACCATAAACATCATTAGACATGGTAAGAAAATCTGGGTA
>HPV38_Beta_1020234_nt6437_L1_Tile_rc|1
TTTGGTTGACAGTACCATCTGGAATAGCGTCACCCACTGCACCACCTCGAACAAAATAAT
>HPV38_Beta_1020234_nt6442_L1_Tile_rc|2
ATGATTTTGGTTGACAGTACCATCTGGAATAGCGTCACCCACTGCACCACCTCGAACAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6462_L1_Tile_rc|2
TTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGGTTGACAGTACCATCTGGAATAGCGTCACCC
>HPV38_Beta_1020234_nt6467_L1_Tile_rc|1
CATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGGTTGACAGTACCATCTGGAATAGCGT
>HPV38_Beta_1020234_nt6477_L1_Tile_rc|1
TGACCCTGTCCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGGTTGACAGTACCATCT
>HPV38_Beta_1020234_nt6482_L1_Tile_rc|2
TGCGTTGACCTGTCCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGGTTGACAGTAC
>HPV38_Beta_1020234_nt6487_L1_Tile_rc|1
TAAAGTGCGTTGACCCTGTCCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGGTTGAC
>HPV38_Beta_1020234_nt6492_L1_Tile_rc|1
TTCCCTAAAGTGCGTTGACCCTGTCCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGATTTTGG
>HPV38_Beta_1020234_nt6497_L1_Tile_rc|1
TAGAGTTCCCTAAAGTGCGTTGACCCTGTCCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATTATGAT
>HPV38_Beta_1020234_nt6502_L1_Tile_rc|2
ATACGTAGAGTTCCCTAAAGTGCGTTGACCCTGTCCATTTTTTGCAGGTAAATAATAATT
>HPV38_Beta_1020234_nt6507_L1_Tile_rc|1
GGAAAATACGTAGAGTTCCCTAAAGTGCGTTGACCCTGTCCATTTTTTGCAGGTAAATAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6537_L1_Tile_rc|1
TCAGACGTCACCAAGGATCCACTAACTGTTGGAAAATACGTAGAGTTCCCTAAAGTGCGT
>HPV38_Beta_1020234_nt6667_L1_Tile_rc|1
TACACTGATTGTAAAGTTTGTATTTTCGGGTATTATCAGCGACTGTAACAAACATTTGATT

>HPV38_Beta_1020234_nt6672_L1_Tile_rc|1
GTGGATACACTGATTGTAAAGTTTGTATTTTCGGGTATTATCAGCGACTGTAACAAACATT
>HPV38_Beta_1020234_nt6677_L1_Tile_rc|1
TTTCAGTGGATACACTGATTGTAAAGTTTGTATTTTCGGGTATTATCAGCGACTGTAACAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6682_L1_Tile_rc|2
CCCGTTTTTCAGTGGATACACTGATTGTAAAGTTTGTATTTTCGGGTATTATCAGCGACTGT
>HPV38_Beta_1020234_nt6692_L1_Tile_rc|1
CTTGAGCACCCCCGTTTTTCAGTGGATACACTGATTGTAAAGTTTGTATTTTCGGGTATTAT
>HPV38_Beta_1020234_nt6702_L1_Tile_rc|2
GAATCATATTCTTGAGCACCCCCGTTTTTCAGTGGATACACTGATTGTAAAGTTTGTATTT
>HPV38_Beta_1020234_nt6797_L1_Tile_rc|1
TCAGCACTTCAGCATTTAAAGGAACCTTACACAATTGCAATATAAATGACAATTGGTATT
>HPV38_Beta_1020234_nt6802_L1_Tile_rc|2
CTGTGTCAGCACTTCAGCATTTAAAGGAACCTTACACAATTGCAATATAAATGACAATTG
>HPV38_Beta_1020234_nt6807_L1_Tile_rc|1
TTAATCTGTGTCAGCACTTCAGCATTTAAAGGAACCTTACACAATTGCAATATAAATGAC
>HPV38_Beta_1020234_nt6897_L1_Tile_rc|1
GTTATGTAACGATATGTATCGTGTACAGAATTGTCTGGGGTGGGTACAAAGCCTAATTGC
>HPV38_Beta_1020234_nt6907_L1_Tile_rc|1
TGCTTTAGATGTTATGTAACGATATGTATCGTGTACAGAATTGTCTGGGGTGGGTACAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6922_L1_Tile_rc|2
ATCTGGACATTTAGTTGCTTTAGATGTTATGTAACGATATGTATCGTGTACAGAATTGTC
>HPV38_Beta_1020234_nt6927_L1_Tile_rc|1
ACTGCATCTGGACATTTAGTTGCTTTAGATGTTATGTAACGATATGTATCGTGTACAGAA
>HPV38_Beta_1020234_nt6937_L1_Tile_rc|1
TGTTTTCAGGCACTGCATCTGGACATTTAGTTGCTTTAGATGTTATGTAACGATATGTATC
>HPV38_Beta_1020234_nt6942_L1_Tile_rc|2
TTTTCTGTTTCAGGCACTGCATCTGGACATTTAGTTGCTTTAGATGTTATGTAACGATAT
>HPV38_Beta_1020234_nt7092_L1_Tile_rc|1
ACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTTCGTGCTGTTTGTAACCTGCTTGGAATAAAAAAT
>HPV38_Beta_1020234_nt7097_L1_Tile_rc|1
TTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTTCGTGCTGTTTGTAACCTGCTTGGAATA
>HPV38_Beta_1020234_nt7102_L1_Tile_rc|2
AGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTTCGTGCTGTTTGTAACCTGCTTG
>HPV38_Beta_1020234_nt7107_L1_Tile_rc|1
TTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTTCGTGCTGTTTGTAACCT
>HPV38_Beta_1020234_nt7112_L1_Tile_rc|1
CAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTGTTTCGTGCTGTTTGTA
>HPV38_Beta_1020234_nt7127_L1_Tile_rc|1
TCCTTTTGCGTTTTACAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGACAGCACGTG
>HPV38_Beta_1020234_nt7135_L1_Tile_rc|1
TTACTGGGTCCTTTTGCGTTTTACAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCCGTTTGAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6004_L1_Tile_rc|1
CTTATTGGTGGTTGATGAAAATGGTGAGTTTTTCAGTATCATCCTGTCTATTATATAATGG
>HPV39_Alpha_333245_nt6009_L1_Tile_rc|1
CTGTCCTTATTGGTGGTTGATGAAAATGGTGAGTTTTTCAGTATCATCCTGTCTATTATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6014_L1_Tile_rc|1
CCCTACTGTCCTTATTGGTGGTTGATGAAAATGGTGAGTTTTTCAGTATCATCCTGTCTAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6419_L1_Tile_rc|1
TGCCCCTAATATACAATTGGGCAGGAATGGCGTCACCCACCATAACCACCACGATTCCAAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6424_L1_Tile_rc|1
ATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAATGGCGTCACCCACCATAACCACCACGATT
>HPV39_Alpha_333245_nt6429_L1_Tile_rc|1
CGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAATGGCGTCACCCACCATAACCACCA
>HPV39_Alpha_333245_nt6439_L1_Tile_rc|1

GGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGGAATGGCGTCACCCAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6454_L1_Tile_rc|1
GTATACAGAACTACCGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAATTGGGCAGG
>HPV39_Alpha_333245_nt6469_L1_Tile_rc|1
GCTGGGAGAGGGGCAGTATACAGAACTACCGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6479_L1_Tile_rc|1
CCATGGAACCGCTGGGAGAGGGGCAGTATACAGAACTACCGGGTTTGCACGTATATCTG
>HPV39_Alpha_333245_nt6489_L1_Tile_rc|1
TCAGAGGTTACCATGGAACCGCTGGGAGAGGGGCAGTATACAGAACTACCGGGTTTGC
>HPV39_Alpha_333245_nt6499_L1_Tile_rc|1
TAACTGGGAATCAGAGGTTACCATGGAACCGCTGGGAGAGGGGCAGTATACAGAACTACC
>HPV39_Alpha_333245_nt6619_L1_Tile_rc|1
GGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGTCCACAACAGTAAGAAATAATTGATT
>HPV39_Alpha_333245_nt6624_L1_Tile_rc|1
ATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGTCCACAACAGTAAGAAATAAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6629_L1_Tile_rc|1
ACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGTCCACAACAGTAAGAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6634_L1_Tile_rc|1
GGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGTCCACAACAGT
>HPV39_Alpha_333245_nt6639_L1_Tile_rc|1
GGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGTCCACA
>HPV39_Alpha_333245_nt6644_L1_Tile_rc|1
TAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGT
>HPV39_Alpha_333245_nt6649_L1_Tile_rc|1
ATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGT
>HPV39_Alpha_333245_nt6654_L1_Tile_rc|1
GGATCATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6664_L1_Tile_rc|1
AAACTTAGAAGGATCATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6674_L1_Tile_rc|1
TATATTCCCTTAACTTAGAAGGATCATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAG
>HPV39_Alpha_333245_nt6679_L1_Tile_rc|1
CCTGGTATATTCCCTTAACTTAGAAGGATCATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGA
>HPV39_Alpha_333245_nt6764_L1_Tile_rc|1
TAGTGTGAATATAAGACATAACATCAGTTGTTAATGTGACAGTACACAGTTGAAATATAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6779_L1_Tile_rc|1
ATATAGAGGAATTCATAGTGTGAATATAAGACATAACATCAGTTGTTAATGTGACAGTAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6789_L1_Tile_rc|1
CAATTGTCCAATATAGAGGAATTCATAGTGTGAATATAAGACATAACATCAGTTGTTAAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6844_L1_Tile_rc|1
GTATCTGTAAAGTGTCTACCAAACCTGGCAGATGGTGGAGGAGCTACAGCAAAATTCGAATT
>HPV39_Alpha_333245_nt6849_L1_Tile_rc|1
TGTAGGTATCTGTAAAGTGTCTACCAAACCTGGCAGATGGTGGAGGAGCTACAGCAAAATTC
>HPV39_Alpha_333245_nt6854_L1_Tile_rc|1
CAGACTGTAGGTATCTGTAAAGTGTCTACCAAACCTGGCAGATGGTGGAGGAGCTACAGCAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6869_L1_Tile_rc|1
GACATGTAATGGCTGCAGACTGTAGGTATCTGTAAAGTGTCTACCAAACCTGGCAGATGGTG
>HPV39_Alpha_333245_nt7054_L1_Tile_rc|1
AGTGGATGCAGCAGGCCGCTTTTCGGGGACCTATAGTAGGGCGCCTGCGGACCCTGGCCTG
>HPV39_Alpha_333245_nt7059_L1_Tile_rc|1
GAGGAAGTGGATGCAGCAGGCCGCTTTTCGGGGACCTATAGTAGGGCGCCTGCGGACCCTG
>HPV40_Alpha_397014_nt5885_L1_Tile_rc|1
ATTGGGTTTTTTTTAACTCAAAGTATGGATGTCCTATAGTCAGTAACCTGGCACTACCAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt5890_L1_Tile_rc|1
TCACCATTGGGTTTTTTTTAACTCAAAGTATGGATGTCCTATAGTCAGTAACCTGGCACTA

>HPV40_Alpha_397014_nt5900_L1_Tile_rc|1
CACTGAAATGTCACCATTGGGTTTTTTTAACTCAAAGTATGGATGTCCTATAGTCAGTAA
>HPV40_Alpha_397014_nt5905_L1_Tile_rc|1
TTAGGCACTGAAATGTCACCATTGGGTTTTTTTAACTCAAAGTATGGATGTCCTATAGTC
>HPV40_Alpha_397014_nt6145_L1_Tile_rc|1
CTACTATCCTGCCCCGACCTGTGCCATAGGCAGATGAGTTTTCCACATCCTCATCCTTA
>HPV40_Alpha_397014_nt6160_L1_Tile_rc|1
ATAGCTACATTTTCCCTACTATCCTGCCCCGACCTGTGCCATAGGCAGATGAGTTTTCC
>HPV40_Alpha_397014_nt6565_L1_Tile_rc|1
GTCCGACCAGATGTACCTGTTATATATAAGTCAGTTGGGACACTATCACCAGTAGTACCT
>HPV40_Alpha_397014_nt6575_L1_Tile_rc|1
TGCAATAGGAGTCCGACCAGATGTACCTGTTATATATAAGTCAGTTGGGACACTATCACC
>HPV40_Alpha_397014_nt6795_L1_Tile_rc|1
AATTACTGTTATTATATGGGGTTGGTGTGGGGGACTGTGTGGCAGCACATAAGGTAAAT
>HPV40_Alpha_397014_nt6800_L1_Tile_rc|1
CTTGAAATTACTGTTATTATATGGGGTTGGTGTGGGGGACTGTGTGGCAGCACATAAGGT
>HPV40_Alpha_397014_nt6810_L1_Tile_rc|1
GCAAATATTCCTTGAAATTACTGTTATTATATGGGGTTGGTGTGGGGGACTGTGTGGCAG
>HPV40_Alpha_397014_nt6990_L1_Tile_rc|1
CCTTGTTGGTAAGGAACCTATATGTATCCTCTAAGGATGCAGAGGCTGGAGGAGCAATTT
>HPV40_Alpha_397014_nt6995_L1_Tile_rc|1
AATAGCCTTGTGGTAAGGAACCTATATGTATCCTCTAAGGATGCAGAGGCTGGAGGAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt7000_L1_Tile_rc|1
CAGGCAATAGCCTTGTGGTAAGGAACCTATATGTATCCTCTAAGGATGCAGAGGCTGGA
>HPV40_Alpha_397014_nt7005_L1_Tile_rc|1
GCTGACAGGCAATAGCCTTGTGGTAAGGAACCTATATGTATCCTCTAAGGATGCAGAGG
>HPV40_Alpha_397014_nt7010_L1_Tile_rc|1
ATCGCGCTGACAGGCAATAGCCTTGTGGTAAGGAACCTATATGTATCCTCTAAGGATGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5337_L1_Tile_rc|1
TAGTAGGATAGACAATGTGAGTGCCATCATCGCTAAAAATAAATACTGAAGGCCTGTCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5342_L1_Tile_rc|2
TGTGCTAGTAGGATAGACAATGTGAGTGCCATCATCGCTAAAAATAAATACTGAAGGCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt5357_L1_Tile_rc|1
TGGGGTGGTGGCTGTTGTGCTAGTAGGATAGACAATGTGAGTGCCATCATCGCTAAAAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5367_L1_Tile_rc|1
CAGGCACGAGTGGGGTGGTGGCTGTTGTGCTAGTAGGATAGACAATGTGAGTGCCATCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5372_L1_Tile_rc|1
CTGTGCAGGCACGAGTGGGGTGGTGGCTGTTGTGCTAGTAGGATAGACAATGTGAGTGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt5397_L1_Tile_rc|1
CAACAATGTAGGGCACATCGCTGGGCTGTGCAGGCACGAGTGGGGTGGTGGCTGTTGTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5407_L1_Tile_rc|1
TACAAGTCAACAACAATGTAGGGCACATCGCTGGGCTGTGCAGGCACGAGTGGGGTGGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5427_L1_Tile_rc|1
CATAATCCATACTTCCACTATACAAGTCAACAACAATGTAGGGCACATCGCTGGGCTGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5432_L1_Tile_rc|1
TATATCATAATCCATACTTCCACTATACAAGTCAACAACAATGTAGGGCACATCGCTGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt5442_L1_Tile_rc|2
GGCTAGGATGTATATCATAATCCATACTTCCACTATACAAGTCAACAACAATGTAGGGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5447_L1_Tile_rc|1
CAACAGGCTAGGATGTATATCATAATCCATACTTCCACTATACAAGTCAACAACAATGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5452_L1_Tile_rc|1
CTGCGCAACAGGCTAGGATGTATATCATAATCCATACTTCCACTATACAAGTCAACAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt5467_L1_Tile_rc|1
CGTTTTTTTACGTTTCCTGCGCAACAGGCTAGGATGTATATCATAATCCATACTTCCACTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5472_L1_Tile_rc|1

GTTTGC GTTTTTTACGTTTCCTGCGCAACAGGCTAGGATGTATATCATAATCCATACTTC
>HPV41_Nu_9626041_nt5522_L1_Tile_rc|2
TAAAAATCTATTTGGGCCTGGAAGCCACACGGCCATCTGAAAAATAAACACGTTTGC GTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5527_L1_Tile_rc|1
GTAAGTAAAATCTATTTGGGCCTGGAAGCCACACGGCCATCTGAAAAATAAACACGTTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5537_L1_Tile_rc|1
GGTTGAGGGGGTAAGTAAAATCTATTTGGGCCTGGAAGCCACACGGCCATCTGAAAAATA
>HPV41_Nu_9626041_nt5542_L1_Tile_rc|2
GTATAGGTTGAGGGGGTAAGTAAAATCTATTTGGGCCTGGAAGCCACACGGCCATCTGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5552_L1_Tile_rc|1
AATGTCCGTTGTATAGGTTGAGGGGGTAAGTAAAATCTATTTGGGCCTGGAAGCCACACG
>HPV41_Nu_9626041_nt5557_L1_Tile_rc|1
TGTTCAATGTCCGTTGTATAGGTTGAGGGGGTAAGTAAAATCTATTTGGGCCTGGAAGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt5572_L1_Tile_rc|1
TCACGTATTCCTCTGTGTTCAATGTCCGTTGTATAGGTTGAGGGGGTAAGTAAAATCTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5577_L1_Tile_rc|1
GCGTCTCACGTATTCCTCTGTGTTCAATGTCCGTTGTATAGGTTGAGGGGGTAAGTAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5587_L1_Tile_rc|1
AAGTACTGGTGC GTCTCACGTATTCCTCTGTGTTCAATGTCCGTTGTATAGGTTGAGGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt5612_L1_Tile_rc|1
AAACGGTCAGTGGCAGCATGGAGGAAAGTACTGGTGC GTCTCACGTATTCCTCTGTGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5622_L1_Tile_rc|2
AACAGTAAGCAAACGGTCAGTGGCAGCATGGAGGAAAGTACTGGTGC GTCTCACGTATTC
>HPV41_Nu_9626041_nt5642_L1_Tile_rc|3
ATATTGTAAAATGGATGTCCAACAGTAAGCAAACGGTCAGTGGCAGCATGGAGGAAAGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5647_L1_Tile_rc|1
TAGTAATATTGTAAAATGGATGTCCAACAGTAAGCAAACGGTCAGTGGCAGCATGGAGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5657_L1_Tile_rc|1
CCATCCGCATTAGTAATATTGTAAAATGGATGTCCAACAGTAAGCAAACGGTCAGTGGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5662_L1_Tile_rc|2
CTTTGCCATCCGCATTAGTAATATTGTAAAATGGATGTCCAACAGTAAGCAAACGGTCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5672_L1_Tile_rc|1
GGGACCACCTCTTTGCCATCCGCATTAGTAATATTGTAAAATGGATGTCCAACAGTAAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5682_L1_Tile_rc|2
GGAAACTTTAGGGACCACCTCTTTGCCATCCGCATTAGTAATATTGTAAAATGGATGTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt5687_L1_Tile_rc|1
TTAGAGGAAACTTTAGGGACCACCTCTTTGCCATCCGCATTAGTAATATTGTAAAATGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5692_L1_Tile_rc|1
ACTGATTAGAGGAAACTTTAGGGACCACCTCTTTGCCATCCGCATTAGTAATATTGTAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5697_L1_Tile_rc|1
CCTGAACTGATTAGAGGAAACTTTAGGGACCACCTCTTTGCCATCCGCATTAGTAATATT
>HPV41_Nu_9626041_nt5707_L1_Tile_rc|1
CACGGAAGGCCCTGAACTGATTAGAGGAAACTTTAGGGACCACCTCTTTGCCATCCGCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5722_L1_Tile_rc|2
GATTTGGGAAACGGACACGGAAGGCCCTGAACTGATTAGAGGAAACTTTAGGGACCACCT
>HPV41_Nu_9626041_nt5727_L1_Tile_rc|1
ATTGGGATTGGGAAACGGACACGGAAGGCCCTGAACTGATTAGAGGAAACTTTAGGGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5732_L1_Tile_rc|1
AAGGTATTGGGATTGGGAAACGGACACGGAAGGCCCTGAACTGATTAGAGGAAACTTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5737_L1_Tile_rc|1
ATGCAAAGGTATTGGGATTGGGAAACGGACACGGAAGGCCCTGAACTGATTAGAGGAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5742_L1_Tile_rc|2
ACAAAATGCAAAGGTATTGGGATTGGGAAACGGACACGGAAGGCCCTGAACTGATTAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5747_L1_Tile_rc|1
TTATCACAAAATGCAAAGGTATTGGGATTGGGAAACGGACACGGAAGGCCCTGAACTGA

>HPV41_Nu_9626041_nt5757_L1_Tile_rc|1
AAAAAGGGACTTATCACAAAATGCAAAGGTATTGGGATTTGGGAAACGGACACGGAAGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5762_L1_Tile_rc|2
GGGTAAAAAGGGACTTATCACAAAATGCAAAGGTATTGGGATTTGGGAAACGGACACGG
>HPV41_Nu_9626041_nt5772_L1_Tile_rc|1
CTCCTTGTTCAGGGTTAAAAAGGGACTTATCACAAAATGCAAAGGTATTGGGATTTGGGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5777_L1_Tile_rc|1
AGACGCTCCTTGTTCAGGGTTAAAAAGGGACTTATCACAAAATGCAAAGGTATTGGGATTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5782_L1_Tile_rc|2
AGACCAGACGCTCCTTGTTCAGGGTTAAAAAGGGACTTATCACAAAATGCAAAGGTATTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt5792_L1_Tile_rc|1
CGAATACCCAGACCAGACGCTCCTTGTTCAGGGTTAAAAAGGGACTTATCACAAAATGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5852_L1_Tile_rc|1
AAAAAAGGGTTCCCTGTTACACCAATACCTAAGGGCTGTCCCCTAGAAACCTCAATCCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5857_L1_Tile_rc|1
TATTAAAAAAGGGTTCCCTGTTACACCAATACCTAAGGGCTGTCCCCTAGAAACCTCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5862_L1_Tile_rc|2
AAACTTATTAAAAAAGGGTTCCCTGTTACACCAATACCTAAGGGCTGTCCCCTAGAAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5882_L1_Tile_rc|2
TAGGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTAAAAAAGGGTTCCCTGTTACACCAATACCT
>HPV41_Nu_9626041_nt5887_L1_Tile_rc|1
CATTGTAGGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTAAAAAAGGGTTCCCTGTTACACCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5892_L1_Tile_rc|1
TATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTAAAAAAGGGTTCCCTGTTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5897_L1_Tile_rc|1
TTGTTTATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTAAAAAAGGGTTCCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt5902_L1_Tile_rc|2
TATTTTTGTTTATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTAAAAAAGGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5907_L1_Tile_rc|1
AATGTTATTTTGTTTTATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTAAAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5912_L1_Tile_rc|1
TCAGTAATGTTATTTTTGTTTATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5917_L1_Tile_rc|1
CTTGGTCAGTAATGTTATTTTTGTTTATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCATCATCAAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5922_L1_Tile_rc|2
TGAACCTTGGTCAGTAATGTTATTTTTGTTTATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCATCATC
>HPV41_Nu_9626041_nt5927_L1_Tile_rc|1
GAGTCTGAACCTTGGTCAGTAATGTTATTTTTGTTTATACCATTTGTAGGGATTTTCAGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt5932_L1_Tile_rc|1
ACCTTGAGTCTGAACCTTGGTCAGTAATGTTATTTTTGTTTATACCATTTGTAGGGATTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5937_L1_Tile_rc|1
GCTCAACCTTGAGTCTGAACCTTGGTCAGTAATGTTATTTTTGTTTATACCATTTGTAGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt5942_L1_Tile_rc|2
GCAATGCTCAACCTTGAGTCTGAACCTTGGTCAGTAATGTTATTTTTGTTTATACCATTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5982_L1_Tile_rc|2
AGCACCTACTATCAGCAGCTGTGTTTGCTTAGGGTCAAATGCAATGCTCAACCTTGAGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt5987_L1_Tile_rc|1
GGTTTAGCACCTACTATCAGCAGCTGTGTTTGCTTAGGGTCAAATGCAATGCTCAACCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5997_L1_Tile_rc|1
ACCCTTTGCAGGTTTAGCACCTACTATCAGCAGCTGTGTTTGCTTAGGGTCAAATGCAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6002_L1_Tile_rc|2
TACTCACCTTTGCAGGTTTAGCACCTACTATCAGCAGCTGTGTTTGCTTAGGGTCAAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6017_L1_Tile_rc|1
GCAGCAACGTCCCAGTACTACCTTTGCAGGTTTAGCACCTACTATCAGCAGCTGTGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6022_L1_Tile_rc|2

ATGTTGCAGCAACGTCCCAGTACTCACCCCTTTGCAGGTTTAGCACCTACTATCAGCAGCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6027_L1_Tile_rc|1
TTCACATGTTGCAGCAACGTCCCAGTACTCACCCCTTTGCAGGTTTAGCACCTACTATCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6032_L1_Tile_rc|1
GGGTTTTTCACATGTTGCAGCAACGTCCCAGTACTCACCCCTTTGCAGGTTTAGCACCTACT
>HPV41_Nu_9626041_nt6057_L1_Tile_rc|1
TTTGTGCATCTGCTTTGGTCAGTGGAGGGTTTTTCACATGTTGCAGCAACGTCCCAGTACTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6077_L1_Tile_rc|1
TTAAGCTCTAGAGCAGGACATTTGTGCATCTGCTTTGGTCAGTGGAGGGTTTTTCACATGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6082_L1_Tile_rc|2
AGGACTTAAGCTCTAGAGCAGGACATTTGTGCATCTGCTTTGGTCAGTGGAGGGTTTTTCAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6087_L1_Tile_rc|1
GTATGAGGACTTAAGCTCTAGAGCAGGACATTTGTGCATCTGCTTTGGTCAGTGGAGGGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6092_L1_Tile_rc|1
TCAATGTATGAGGACTTAAGCTCTAGAGCAGGACATTTGTGCATCTGCTTTGGTCAGTGGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6102_L1_Tile_rc|2
GTCTGCATCCTCAATGTATGAGGACTTAAGCTCTAGAGCAGGACATTTGTGCATCTGCTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6112_L1_Tile_rc|1
TGTCACCTCATGTCTGCATCCTCAATGTATGAGGACTTAAGCTCTAGAGCAGGACATTTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6122_L1_Tile_rc|2
CCCAGGCCTATGTCACTCATGTCTGCATCCTCAATGTATGAGGACTTAAGCTCTAGAGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6127_L1_Tile_rc|1
AGTTTTCCAGGCCTATGTCACTCATGTCTGCATCCTCAATGTATGAGGACTTAAGCTCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6132_L1_Tile_rc|1
ATTCAAGTTTCCAGGCCTATGTCACTCATGTCTGCATCCTCAATGTATGAGGACTTAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6137_L1_Tile_rc|1
GAAAAATTCAAGTTTCCAGGCCTATGTCACTCATGTCTGCATCCTCAATGTATGAGGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6147_L1_Tile_rc|1
CTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTTCCAGGCCTATGTCACTCATGTCTGCATCCTCAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6152_L1_Tile_rc|1
TTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTTCCAGGCCTATGTCACTCATGTCTGCATCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6157_L1_Tile_rc|1
ATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTTCCAGGCCTATGTCACTCATGTCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6162_L1_Tile_rc|2
ATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTTCCAGGCCTATGTCACTCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6167_L1_Tile_rc|1
GGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTTCCAGGCCTATGTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6172_L1_Tile_rc|1
CTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTTCCAGGCCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6177_L1_Tile_rc|1
AATATCTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTTCCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6182_L1_Tile_rc|2
TCCACAATATCTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCAAGTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6187_L1_Tile_rc|1
TAGAATCCACAATATCTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAAATTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6192_L1_Tile_rc|1
GCAGATAGAATCCACAATATCTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTAGAAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6197_L1_Tile_rc|1
TATTTGCAGATAGAATCCACAATATCTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCAGTGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6202_L1_Tile_rc|2
CAGGATATTTGCAGATAGAATCCACAATATCTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCTCTGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6207_L1_Tile_rc|1
GTAGTCAGGATATTTGCAGATAGAATCCACAATATCTAATGGGGCATCGGATTTGTTTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6257_L1_Tile_rc|1
CGCACATAGAAAAACATGTGGTCTCCATATAGTTCTTCTATCATTTGCAGGTAGTCAGGA

>HPV41_Nu_9626041_nt6267_L1_Tile_rc|1
AGCTTCACGCCGCACATAGAAAAACATGTGGTCTCCATATAGTTCTTCTATCATTTGCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6272_L1_Tile_rc|1
TACAGAGCTTCACGCCGCACATAGAAAAACATGTGGTCTCCATATAGTTCTTCTATCATT
>HPV41_Nu_9626041_nt6277_L1_Tile_rc|1
TAGCATACAGAGCTTCACGCCGCACATAGAAAAACATGTGGTCTCCATATAGTTCTTCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6282_L1_Tile_rc|2
ATGCCTAGCATACAGAGCTTCACGCCGCACATAGAAAAACATGTGGTCTCCATATAGTTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6287_L1_Tile_rc|1
ATTATATGCCTAGCATACAGAGCTTCACGCCGCACATAGAAAAACATGTGGTCTCCATAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6302_L1_Tile_rc|2
TTGCCCCGCTGTTGCATTATATGCCTAGCATACAGAGCTTCACGCCGCACATAGAAAAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6307_L1_Tile_rc|1
CCATCTTGCCCCGCTGTTGCATTATATGCCTAGCATACAGAGCTTCACGCCGCACATAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6317_L1_Tile_rc|1
TGCTCAGCATCCATCTTGCCCCGCTGTTGCATTATATGCCTAGCATACAGAGCTTCACGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6322_L1_Tile_rc|2
GAAATTGCTCAGCATCCATCTTGCCCCGCTGTTGCATTATATGCCTAGCATACAGAGCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6327_L1_Tile_rc|1
AGTGGGAAATTGCTCAGCATCCATCTTGCCCCGCTGTTGCATTATATGCCTAGCATACAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6332_L1_Tile_rc|1
AGAGAAGTGGGAAATTGCTCAGCATCCATCTTGCCCCGCTGTTGCATTATATGCCTAGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6337_L1_Tile_rc|1
TGTACAGAGAAGTGGGAAATTGCTCAGCATCCATCTTGCCCCGCTGTTGCATTATATGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6342_L1_Tile_rc|2
GTCTATGTACAGAGAAGTGGGAAATTGCTCAGCATCCATCTTGCCCCGCTGTTGCATTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6352_L1_Tile_rc|1
CTACAGAGGAGTCTATGTACAGAGAAGTGGGAAATTGCTCAGCATCCATCTTGCCCCGCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6357_L1_Tile_rc|1
ACCTTCTACAGAGGAGTCTATGTACAGAGAAGTGGGAAATTGCTCAGCATCCATCTTGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6362_L1_Tile_rc|2
TTCTCACCTTCTACAGAGGAGTCTATGTACAGAGAAGTGGGAAATTGCTCAGCATCCATC
>HPV41_Nu_9626041_nt6367_L1_Tile_rc|1
TTAATTTCTCACCTTCTACAGAGGAGTCTATGTACAGAGAAGTGGGAAATTGCTCAGCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6372_L1_Tile_rc|1
GGAATTTAATTTCTCACCTTCTACAGAGGAGTCTATGTACAGAGAAGTGGGAAATTGCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6377_L1_Tile_rc|1
TGCAAGGAATTTAATTTCTCACCTTCTACAGAGGAGTCTATGTACAGAGAAGTGGGAAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6387_L1_Tile_rc|1
ATCAGTGCGCTGCAAGGAATTTAATTTCTCACCTTCTACAGAGGAGTCTATGTACAGAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6392_L1_Tile_rc|1
TACCTATCAGTGCGCTGCAAGGAATTTAATTTCTCACCTTCTACAGAGGAGTCTATGTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6397_L1_Tile_rc|1
TGAAATACCTATCAGTGCGCTGCAAGGAATTTAATTTCTCACCTTCTACAGAGGAGTCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6402_L1_Tile_rc|2
TGTCATGAAATACCTATCAGTGCGCTGCAAGGAATTTAATTTCTCACCTTCTACAGAGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6407_L1_Tile_rc|1
CTGGGTGTCATGAAATACCTATCAGTGCGCTGCAAGGAATTTAATTTCTCACCTTCTACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6417_L1_Tile_rc|1
CAGGGAGCCGCTGGGTGTCATGAAATACCTATCAGTGCGCTGCAAGGAATTTAATTTCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6422_L1_Tile_rc|2
GCTACCAGGGAGCCGCTGGGTGTCATGAAATACCTATCAGTGCGCTGCAAGGAATTTAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6427_L1_Tile_rc|1
CAGTAGCTACCAGGGAGCCGCTGGGTGTCATGAAATACCTATCAGTGCGCTGCAAGGAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6447_L1_Tile_rc|1

CCTGTTAAACAGCTGCTGCTCAGTAGCTACCAGGGAGCCGCTGGGTGTCATGAAATACCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6457_L1_Tile_rc|1
GCCAAAAGGCCTGTTAAACAGCTGCTGCTCAGTAGCTACCAGGGAGCCGCTGGGTGTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6517_L1_Tile_rc|1
ATGTTACAAAGGCCTCGTTGTGCCACAGTATGCCATTGTTATGGCCCTGGGATCTCTGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6522_L1_Tile_rc|2
AACCAATGTTACAAAGGCCTCGTTGTGCCACAGTATGCCATTGTTATGGCCCTGGGATCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6547_L1_Tile_rc|1
TAAAGTTAGTTCCCCTGGTAGTGTCAACCAATGTTACAAAGGCCTCGTTGTGCCACAGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6552_L1_Tile_rc|1
GATGGTAAAGTTAGTTCCCCTGGTAGTGTCAACCAATGTTACAAAGGCCTCGTTGTGCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6557_L1_Tile_rc|1
ACACTGATGGTAAAGTTAGTTCCCCTGGTAGTGTCAACCAATGTTACAAAGGCCTCGTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6567_L1_Tile_rc|1
CCCCTCAGGAACACTGATGGTAAAGTTAGTTCCCCTGGTAGTGTCAACCAATGTTACAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6577_L1_Tile_rc|1
AAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGGTAAAGTTAGTTCCCCTGGTAGTGTCAACCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6582_L1_Tile_rc|2
ATATGAAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGGTAAAGTTAGTTCCCCTGGTAGTGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6587_L1_Tile_rc|1
TTGTTATATGAAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGGTAAAGTTAGTTCCCCTGGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6592_L1_Tile_rc|1
TAGAATTGTTATATGAAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGGTAAAGTTAGTTCCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6597_L1_Tile_rc|1
AAACTTAGAATTGTTATATGAAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGGTAAAGTTAGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6602_L1_Tile_rc|2
TCAAAAAACTTAGAATTGTTATATGAAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGGTAAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6607_L1_Tile_rc|1
AAAACCTCAAAAAACTTAGAATTGTTATATGAAGAAGCATCCCCCTCAGGAACACTGATGG
>HPV41_Nu_9626041_nt6627_L1_Tile_rc|1
AAACTCCTCGGTGTGCCTTAAAAACTCAAAAAACTTAGAATTGTTATATGAAGAAGCATC
>HPV41_Nu_9626041_nt6632_L1_Tile_rc|1
AGCTGAAACTCCTCGGTGTGCCTTAAAAACTCAAAAAACTTAGAATTGTTATATGAAGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6637_L1_Tile_rc|1
AGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTGCCTTAAAAACTCAAAAAACTTAGAATTGTTATATG
>HPV41_Nu_9626041_nt6642_L1_Tile_rc|2
AATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTGCCTTAAAAACTCAAAAAACTTAGAATTGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt6657_L1_Tile_rc|1
CTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTGCCTTAAAAACTCAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6662_L1_Tile_rc|2
TCTACCTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTGCCTTAAAAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6667_L1_Tile_rc|1
TAAGGTCTACCTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTGCCTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6672_L1_Tile_rc|1
AGGGGTAAAGGTCTACCTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCGGTGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6677_L1_Tile_rc|1
TTCTCAGGGGTAAAGGTCTACCTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCAAGCTGAAACTCCTCG
>HPV41_Nu_9626041_nt6687_L1_Tile_rc|1
GTAAGCCAAATTCTCAGGGGTAAAGGTCTACCTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCAAGCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6692_L1_Tile_rc|1
TGTATGTAAGCCAAATTCTCAGGGGTAAAGGTCTACCTTACACAGCTGTAGAATAAAGGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6697_L1_Tile_rc|1
TTGTGTGTATGTAAGCCAAATTCTCAGGGGTAAAGGTCTACCTTACACAGCTGTAGAATAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6702_L1_Tile_rc|2
ATCCATTGTGTGTATGTAAGCCAAATTCTCAGGGGTAAAGGTCTACCTTACACAGCTGTAG

>HPV41_Nu_9626041_nt6707_L1_Tile_rc|1
GATGGATCCATTGTGTGTATGTAAGCCAAATTCTCAGGGGTAAGGTCTACCTTACACAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6712_L1_Tile_rc|1
TAATGGATGGATCCATTGTGTGTATGTAAGCCAAATTCTCAGGGGTAAGGTCTACCTTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6722_L1_Tile_rc|2
CAGTCTTCAATAATGGATGGATCCATTGTGTGTATGTAAGCCAAATTCTCAGGGGTAAGG
>HPV41_Nu_9626041_nt6732_L1_Tile_rc|1
AGCTAAATGCCAGTCTTCAATAATGGATGGATCCATTGTGTGTATGTAAGCCAAATTCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6742_L1_Tile_rc|2
GTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAATAATGGATGGATCCATTGTGTGTATGTAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6747_L1_Tile_rc|1
GGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAATAATGGATGGATCCATTGTGTGTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6752_L1_Tile_rc|1
GAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAATAATGGATGGATCCATTGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6757_L1_Tile_rc|1
GTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAATAATGGATGGATCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6762_L1_Tile_rc|2
CTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAATAATGGATGG
>HPV41_Nu_9626041_nt6767_L1_Tile_rc|1
TGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAATAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt6772_L1_Tile_rc|1
TATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTCTTCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6777_L1_Tile_rc|1
GTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGCCAGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt6782_L1_Tile_rc|2
AGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTAAATGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6787_L1_Tile_rc|1
TGGACAGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGACAGCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt6792_L1_Tile_rc|1
TGCAATGGACAGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAAGTGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6797_L1_Tile_rc|1
TTAGTTGCAATGGACAGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAGGTGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6802_L1_Tile_rc|2
GACATTTAGTTGCAATGGACAGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATTGGGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6807_L1_Tile_rc|1
AGAGGGACATTTAGTTGCAATGGACAGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACAGAATT
>HPV41_Nu_9626041_nt6812_L1_Tile_rc|1
TCCTTAGAGGGACATTTAGTTGCAATGGACAGTATGTACCTATAATGATCCTCCAGTACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6822_L1_Tile_rc|2
ATCATCTGCATCCTTAGAGGGACATTTAGTTGCAATGGACAGTATGTACCTATAATGATC
>HPV41_Nu_9626041_nt6832_L1_Tile_rc|1
CAGTGGAGGTATCATCTGCATCCTTAGAGGGACATTTAGTTGCAATGGACAGTATGTACC
>HPV41_Nu_9626041_nt6837_L1_Tile_rc|1
TGGGTCACTGGAGGTATCATCTGCATCCTTAGAGGGACATTTAGTTGCAATGGACAGTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6872_L1_Tile_rc|1
CGTAGATCAACCTCCCAAACTTAAGATCTTTGTATGGGTCAGTGGAGGTATCATCTGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6877_L1_Tile_rc|1
GATCCCGTAGATCAACCTCCCAAACTTAAGATCTTTGTATGGGTCAGTGGAGGTATCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt6887_L1_Tile_rc|1
TCTGTCATACGATCCCGTAGATCAACCTCCCAAACTTAAGATCTTTGTATGGGTCAGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6927_L1_Tile_rc|1
AAACAAAAAACTTCCTGCCAAGGGGAGTCTGGTCCAATTGCTCTGTCATACGATCCCGTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt6932_L1_Tile_rc|1
GTTTGAACAAAACTTCCTGCCAAGGGGAGTCTGGTCCAATTGCTCTGTCATACGATCC
>HPV41_Nu_9626041_nt6942_L1_Tile_rc|2

AGTGATACCAGTTTGAACAAAAAATTCTGCCAAGGGGAGTCTGGTCCAATTGCTCTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt6947_L1_Tile_rc|1
GACTGAGTGATACCAGTTTGAACAAAAAATTCTGCCAAGGGGAGTCTGGTCCAATTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt6952_L1_Tile_rc|1
ATGATGACTGAGTGATACCAGTTTGAACAAAAAATTCTGCCAAGGGGAGTCTGGTCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6962_L1_Tile_rc|2
CGCTTATTTGATGATGACTGAGTGATACCAGTTTGAACAAAAAATTCTGCCAAGGGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt6967_L1_Tile_rc|1
ACACCCGCTTATTTGATGATGACTGAGTGATACCAGTTTGAACAAAAAATTCTGCCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt6972_L1_Tile_rc|1
CGTGGACACCCGCTTATTTGATGATGACTGAGTGATACCAGTTTGAACAAAAAATTCTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt6977_L1_Tile_rc|1
GACTGCGTGGACACCCGCTTATTTGATGATGACTGAGTGATACCAGTTTGAACAAAAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6982_L1_Tile_rc|2
CAGTAGACTGCGTGGACACCCGCTTATTTGATGATGACTGAGTGATACCAGTTTGAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6987_L1_Tile_rc|1
AAGGGCAGTAGACTGCGTGGACACCCGCTTATTTGATGATGACTGAGTGATACCAGTTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6992_L1_Tile_rc|1
GTAGTAAGGGCAGTAGACTGCGTGGACACCCGCTTATTTGATGATGACTGAGTGATACCA
>HPV41_Nu_9626041_nt6997_L1_Tile_rc|1
TGTAGGTAGTAAGGGCAGTAGACTGCGTGGACACCCGCTTATTTGATGATGACTGAGTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt7012_L1_Tile_rc|1
GCTTAGTAGGCCGCCTGTAGGTAGTAAGGGCAGTAGACTGCGTGGACACCCGCTTATTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt7022_L1_Tile_rc|2
TTCCGGCGGCGCTTAGTAGGCCGCCTGTAGGTAGTAAGGGCAGTAGACTGCGTGGACACC
>HPV41_Nu_9626041_nt7029_L1_Tile_rc|1
TTAAGCCTTCCGGCGGCGCTTAGTAGGCCGCCTGTAGGTAGTAAGGGCAGTAGACTGCGT
>HPV42_Alpha_333211_nt5942_L1_Tile_rc|2
CTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCAACAACCAATAGCCTAGAACTGCTGGCATGG
>HPV42_Alpha_333211_nt5947_L1_Tile_rc|1
TTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCAACAACCAATAGCCTAGAACTGCTGG
>HPV42_Alpha_333211_nt5952_L1_Tile_rc|1
CTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCAACAACCAATAGCCTAGAACT
>HPV42_Alpha_333211_nt5957_L1_Tile_rc|1
GATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCAACAACCAATAGCCTA
>HPV42_Alpha_333211_nt5962_L1_Tile_rc|2
GGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCAACAACCAATA
>HPV42_Alpha_333211_nt5967_L1_Tile_rc|1
TTTGGGGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCAACAAC
>HPV42_Alpha_333211_nt5972_L1_Tile_rc|1
GACACTTTGGGGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGTGACCA
>HPV42_Alpha_333211_nt5977_L1_Tile_rc|1
AACCAGACACTTTGGGGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATAAGGGT
>HPV42_Alpha_333211_nt5982_L1_Tile_rc|2
CTGTAAACCAGACACTTTGGGGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAAATAGAGTAATA
>HPV42_Alpha_333211_nt5992_L1_Tile_rc|1
ATACTCTGTACTGTAAACCAGACACTTTGGGGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTTTGTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5997_L1_Tile_rc|1
TCTAAATACTCTGTACTGTAAACCAGACACTTTGGGGATAGATGTCTTATTTGGCCTTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt6002_L1_Tile_rc|2
CTAACTCTAAATACTCTGTACTGTAAACCAGACACTTTGGGGATAGATGTCTTATTTGGC
>HPV42_Alpha_333211_nt6007_L1_Tile_rc|1
GGAGCCTAACTCTAAATACTCTGTACTGTAAACCAGACACTTTGGGGATAGATGTCTTAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6052_L1_Tile_rc|1
GGTTATATAAATTAGTTTCAGGCAATGTAAACTTATTAGGATCAGGGAGCCTAACTCTAA

>HPV42_Alpha_333211_nt6217_L1_Tile_rc|1
AAACATTTTCCCTATTGTCTGTACCAGGGCCTCCACCATATGTAGGCGCATTTTCAGTAT
>HPV42_Alpha_333211_nt6222_L1_Tile_rc|2
CATAGAAACATTTTCCCTATTGTCTGTACCAGGGCCTCCACCATATGTAGGCGCATTTTC
>HPV42_Alpha_333211_nt6347_L1_Tile_rc|1
CTATTTTTTTAATTCTAATGGTGGGCAGTCACCATTGGACTGTGGTGTACAGGCAGTACCT
>HPV42_Alpha_333211_nt6352_L1_Tile_rc|1
TAAAACTATTTTTTAATTCTAATGGTGGGCAGTCACCATTGGACTGTGGTGTACAGGCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt6357_L1_Tile_rc|1
CTGAATAAAACTATTTTTTTAATTCTAATGGTGGGCAGTCACCATTGGACTGTGGTGTACA
>HPV42_Alpha_333211_nt6422_L1_Tile_rc|2
GCTTTGGAGGATTGTAAAGCACCAAAATCTAGTGCCCCAAACCCTACATCCACCATATCC
>HPV42_Alpha_333211_nt6442_L1_Tile_rc|2
CAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTTGGAGGATTGTAAAGCACCAAAATCTAGTGCCCCAA
>HPV42_Alpha_333211_nt6447_L1_Tile_rc|1
ATTTACAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTTGGAGGATTGTAAAGCACCAAAATCTAGTGC
>HPV42_Alpha_333211_nt6452_L1_Tile_rc|1
ATTGAATTTACAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTTGGAGGATTGTAAAGCACCAAAATCT
>HPV42_Alpha_333211_nt6457_L1_Tile_rc|1
TAGTAATTGAATTTACAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTTGGAGGATTGTAAAGCACCAA
>HPV42_Alpha_333211_nt6462_L1_Tile_rc|2
ATATTTAGTAATTGAATTTACAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTTGGAGGATTGTAAAGC
>HPV42_Alpha_333211_nt6467_L1_Tile_rc|1
TCAGGATATTTAGTAATTGAATTTACAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTTGGAGGATTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt6472_L1_Tile_rc|1
AGTAATCAGGATATTTAGTAATTGAATTTACAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTTGGAGG
>HPV42_Alpha_333211_nt6477_L1_Tile_rc|1
TTTTAAGTAATCAGGATATTTAGTAATTGAATTTACAATATCCAAAGGTACCTCAGCTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt6612_L1_Tile_rc|1
ATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCATCAGGTACAGGTTACCAATTGCGCCAGCCCTATT
>HPV42_Alpha_333211_nt6622_L1_Tile_rc|2
CAGATGCATTATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCATCAGGTACAGGTTACCAATTGCGC
>HPV42_Alpha_333211_nt6632_L1_Tile_rc|1
TTATGTCTGCCAGATGCATTATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCATCAGGTACAGGTTCA
>HPV42_Alpha_333211_nt6642_L1_Tile_rc|2
ACTACCTAAATTATGTCTGCCAGATGCATTATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCATCAGG
>HPV42_Alpha_333211_nt6647_L1_Tile_rc|1
ATACTACTACCTAAATTATGTCTGCCAGATGCATTATTAGCAGCCTTGGTATACAGTTCA
>HPV42_Alpha_333211_nt6852_L1_Tile_rc|1
ATTAGCAGCTGTATATGTATCACCAGATGTTGCAGTGGCACACAAAGTCATGTTAGTACT
>HPV42_Alpha_333211_nt6857_L1_Tile_rc|1
TTAAAATTAGCAGCTGTATATGTATCACCAGATGTTGCAGTGGCACACAAAGTCATGTTA
>HPV42_Alpha_333211_nt6862_L1_Tile_rc|2
ATTCCTTAAATTAGCAGCTGTATATGTATCACCAGATGTTGCAGTGGCACACAAAGTCA
>HPV42_Alpha_333211_nt6877_L1_Tile_rc|1
CAGCATGTCTTAAATATTCCTTAAATTAGCAGCTGTATATGTATCACCAGATGTTGCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt6972_L1_Tile_rc|1
TAATATGTTAGGATTCATATTGTGTATATATGACATAACTTCAACAGTTAATGTTATTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt7057_L1_Tile_rc|1
AGCGAATAGCTTCTGATTGTACATACCTATAACTATCTTCTAAAGTTCCTGAAGGTGGTG
>HPV42_Alpha_333211_nt7062_L1_Tile_rc|2
CTGACAGCGAATAGCTTCTGATTGTACATACCTATAACTATCTTCTAAAGTTCCTGAAGG
>HPV42_Alpha_333211_nt7067_L1_Tile_rc|1
TTAGCCTGACAGCGAATAGCTTCTGATTGTACATACCTATAACTATCTTCTAAAGTTCCT
>HPV42_Alpha_333211_nt7072_L1_Tile_rc|1

TTACCTTAGCCTGACAGCGAATAGCTTCTGATTGTACATACCTATAACTATCTTCTAAAG
>HPV42_Alpha_333211_nt7077_L1_Tile_rc|1
CGTTGTTACCTTAGCCTGACAGCGAATAGCTTCTGATTGTACATACCTATAACTATCTTC
>HPV42_Alpha_333211_nt7082_L1_Tile_rc|2
TCTGGCGTTGTTACCTTAGCCTGACAGCGAATAGCTTCTGATTGTACATACCTATAACTA
>HPV42_Alpha_333211_nt7097_L1_Tile_rc|1
TAAGGATCCTTTTTTCTGGCGTTGTTACCTTAGCCTGACAGCGAATAGCTTCTGATTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt7102_L1_Tile_rc|2
CTGAATAAGGATCCTTTTTTCTGGCGTTGTTACCTTAGCCTGACAGCGAATAGCTTCTG
>HPV42_Alpha_333211_nt7107_L1_Tile_rc|1
AAAGTCTGAATAAGGATCCTTTTTTCTGGCGTTGTTACCTTAGCCTGACAGCGAATAGC
>HPV42_Alpha_333211_nt7247_L1_Tile_rc|1
TTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACAGACAGTTTAGGCCTTGCACGCAACCCGGCC
>HPV42_Alpha_333211_nt7252_L1_Tile_rc|1
CAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACAGACAGTTTAGGCCTTGCACGCAACC
>HPV42_Alpha_333211_nt7257_L1_Tile_rc|1
AGAAACAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACAGACAGTTTAGGCCTTGCACG
>HPV42_Alpha_333211_nt7262_L1_Tile_rc|2
GCTGAAGAAACAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACAGACAGTTTAGGCCTT
>HPV42_Alpha_333211_nt7267_L1_Tile_rc|1
GTTTAGCTGAAGAAACAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACAGACAGTTTAG
>HPV42_Alpha_333211_nt7272_L1_Tile_rc|1
CTTACGTTTAGCTGAAGAAACAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACAGACAG
>HPV42_Alpha_333211_nt7277_L1_Tile_rc|1
GTTTTCTTACGTTTAGCTGAAGAAACAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCGTTTACCTACA
>HPV42_Alpha_333211_nt7287_L1_Tile_rc|1
CTATTTGTGTGTTTTCTTACGTTTAGCTGAAGAAACAGATTTAGCTGTAGACGCCTTTCG
>HPV43_Alpha_40804474_nt5863_L1_Tile_rc|1
AGAGGAATTTTAAAGGGGAAATATGGGTGACCCACTGCAAGCAAACGTGAACTGCCAGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5868_L1_Tile_rc|1
TTACCAGAGGAATTTTAAAGGGGAAATATGGGTGACCCACTGCAAGCAAACGTGAACTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt5873_L1_Tile_rc|1
TTATTTTACCAGAGGAATTTTAAAGGGGAAATATGGGTGACCCACTGCAAGCAAACGTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt5878_L1_Tile_rc|1
TACAGTTATTTTACCAGAGGAATTTTAAAGGGGAAATATGGGTGACCCACTGCAAGCAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5883_L1_Tile_rc|1
TTAGGTACAGTTATTTTACCAGAGGAATTTTAAAGGGGAAATATGGGTGACCCACTGCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5893_L1_Tile_rc|1
ACCAGAAACCTTAGGTACAGTTATTTTACCAGAGGAATTTTAAAGGGGAAATATGGGTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt5898_L1_Tile_rc|1
TGATAACCAGAAACCTTAGGTACAGTTATTTTACCAGAGGAATTTTAAAGGGGAAATAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6518_L1_Tile_rc|1
ACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTTACCAGCTTTATTAATAAATGTCTAAGGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6528_L1_Tile_rc|1
CCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTTACCAGCTTTATTAATAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6533_L1_Tile_rc|1
TAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTTACCAGCTTTATTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6538_L1_Tile_rc|1
GGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTTACCAGCTTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6543_L1_Tile_rc|1
GACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTTACCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6548_L1_Tile_rc|1
TTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCCAGTTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6553_L1_Tile_rc|1
TGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACGTCGCC

>HPV43_Alpha_40804474_nt6558_L1_Tile_rc|1
CTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCACAACG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6563_L1_Tile_rc|1
ATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6568_L1_Tile_rc|1
AAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6573_L1_Tile_rc|1
GTAGAAAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6578_L1_Tile_rc|1
TGGGTGTAGAAAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6583_L1_Tile_rc|1
CCCACTGGGTGTAGAAAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6588_L1_Tile_rc|1
AAAGACCCACTGGGTGTAGAAAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6593_L1_Tile_rc|1
TAACCAAAGACCCACTGGGTGTAGAAAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6598_L1_Tile_rc|1
AGAAGTAACCAAAGACCCACTGGGTGTAGAAAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6753_L1_Tile_rc|1
CTGGGCACAGTAGGGTCAGTAGAGGCACATAACGTTAAGTTTGTACTACGAGTGGTATCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6788_L1_Tile_rc|1
GCAGGTATTCCCTAAACTTTGCATTGTGCATATGTACTGGGCACAGTAGGGTCAGTAGAGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6888_L1_Tile_rc|1
AATGTGGGATCCATAGTATGAATATATGTCATAACCTCTGGGTTTAGCGTTATTATGCAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6893_L1_Tile_rc|1
CTAATAATGTGGGATCCATAGTATGAATATATGTCATAACCTCTGGGTTTAGCGTTATTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6973_L1_Tile_rc|1
AATGGCCTTGTTAGACAAAAAGCGATAAGTATCTTCCAAAGAAGCAGAGGCAGGTGGGGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7068_L1_Tile_rc|1
TGTGCAGAAAACCTTTTCTGTAAGATTTATATCCCAAATGTATACTTTTATAGGGATCC
>HPV43_Alpha_40804474_nt7193_L1_Tile_rc|1
TGCGTTTAGAGGCAGGGGCAGACGTAGAGGAGGATGGTGCAGAACGCTTTACAGTTTTTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7203_L1_Tile_rc|1
TTAGTTTTTTTGCCTTTAGAGGCAGGGGCAGACGTAGAGGAGGATGGTGCAGAACGCTTT
>HPV44_Alpha_1020242_nt6475_L1_Tile_rc|1
ATTTTTACTAGCACTTTTAATAACCAGATCCTGGGAAACGTCCTCACCAACTGTTCCAGC
>HPV44_Alpha_1020242_nt6480_L1_Tile_rc|1
ACAGTATTTTTACTAGCACTTTTAATAACCAGATCCTGGGAAACGTCCTCACCAACTGTT
>HPV44_Alpha_1020242_nt6720_L1_Tile_rc|1
CGCATGTATTGCTTATATTGTTCACTAGTATATGTAGACGGAGGGGACTGTGTAGTGGCA
>HPV45_Alpha_397022_nt5731_L1_Tile_rc|1
TGTTTATTACCTGCACCATTAGGTACAACCCTAAAATATGGATTGCCTACAGTTAATAAT
>HPV45_Alpha_397022_nt5736_L1_Tile_rc|1
CAGCCTGTTTATTACCTGCACCATTAGGTACAACCCTAAAATATGGATTGCCTACAGTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt5751_L1_Tile_rc|1
CGGATACCTTAGGAACAGCCTGTTTATTACCTGCACCATTAGGTACAACCCTAAAATATG
>HPV45_Alpha_397022_nt5756_L1_Tile_rc|1
ATATGCGGATACCTTAGGAACAGCCTGTTTATTACCTGCACCATTAGGTACAACCCTAAA
>HPV45_Alpha_397022_nt5761_L1_Tile_rc|1
TACTGATATGCGGATACCTTAGGAACAGCCTGTTTATTACCTGCACCATTAGGTACAACC
>HPV45_Alpha_397022_nt5971_L1_Tile_rc|1
GTAATAACAGCTGTAGCTGCATGAGCACTTTCTGTATCATCCAATTTATTATAAAATGGA
>HPV45_Alpha_397022_nt6136_L1_Tile_rc|1
ATAATGGTGTTTTAAAGTTCCAAAGGAGGACAGTCACCAGGTTGCAATTGTGCAGGTTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt6416_L1_Tile_rc|1

AGGGGTTTCACGCATATTAGCGCTAGTGCCTTTAATATATAGGTCCGTAGGTACTGTGTC
>HPV45_Alpha_397022_nt6426_L1_Tile_rc|1
CACAACTGCCAGGGTTTCACGCATATTAGCGCTAGTGCCTTTAATATATAGGTCCGTAG
>HPV45_Alpha_397022_nt6936_L1_Tile_rc|1
AATCGGAGGAAAAATTTTTCCTTTAGGTCAACAGTCCAAAACTTTAATTTATCATATGGAT
>HPV45_Alpha_397022_nt6941_L1_Tile_rc|1
ATCCAAATCGGAGGAAAAATTTTTCCTTTAGGTCAACAGTCCAAAACTTTAATTTATCATA
>HPV45_Alpha_397022_nt6946_L1_Tile_rc|1
TATTGATCCAAATCGGAGGAAAAATTTTTCCTTTAGGTCAACAGTCCAAAACTTTAATTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt7056_L1_Tile_rc|1
GCCTAGATGCAGTAGATGCAGTAGACGTGGAAGCAGCAGGACGCTTACGAGGTCCTATGG
>HPV45_Alpha_397022_nt7091_L1_Tile_rc|1
TTATTTCTTACTACGTATACGTACACGTTTGGCAGGCCTAGATGCAGTAGATGCAGTAGA
>HPV47_Beta_333062_nt6269_L1_Tile_rc|1
TCTTTTGAGTTTGTGATATAGGAATTACTGTTTTCTGTATCTTTTACCTTATTAAAATAT
>HPV47_Beta_333062_nt6289_L1_Tile_rc|1
AAGAGGTGTCTTGTCTGTCATCTTTTGAGTTTGTGATATAGGAATTACTGTTTTCTGTAT
>HPV47_Beta_333062_nt6294_L1_Tile_rc|1
ATCAAAAGAGGTGTCTTGTCTGTCATCTTTTGAGTTTGTGATATAGGAATTACTGTTTTC
>HPV47_Beta_333062_nt6729_L1_Tile_rc|1
AGTGCTCTGAGCCTGACCCGTAGCACCAGGAATGTAAAATTGATTTTTTCATATTACCATT
>HPV47_Beta_333062_nt6934_L1_Tile_rc|1
TTATGTCCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATTTGTATTTCTTGTGTTGTCTA
>HPV47_Beta_333062_nt6939_L1_Tile_rc|1
ATCCTTTATGTCCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATTTGTATTTCTTGTGTT
>HPV47_Beta_333062_nt6944_L1_Tile_rc|1
TGTATATCCTTTATGTCCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATTTGTATTTCTT
>HPV47_Beta_333062_nt6949_L1_Tile_rc|1
AATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATTTGTAT
>HPV47_Beta_333062_nt6954_L1_Tile_rc|1
ATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATT
>HPV47_Beta_333062_nt6964_L1_Tile_rc|1
AATTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGA
>HPV47_Beta_333062_nt6969_L1_Tile_rc|1
TCTAAAATTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCCTGCCTGAGAGTAAAC
>HPV47_Beta_333062_nt6974_L1_Tile_rc|1
TACTCTCTAAAATTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCCTGCCTGAGAG
>HPV47_Beta_333062_nt6984_L1_Tile_rc|1
ATGTCTTTGATACTCTCTAAAATTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCC
>HPV47_Beta_333062_nt7164_L1_Tile_rc|1
AGTGGCCAAAGATTCTAGATATCTATATGTATCCTGAATAGGGTTGTCTGGAGTAGGCAC
>HPV47_Beta_333062_nt7179_L1_Tile_rc|1
CTTTTCAGGACACCTAGTGGCCAAAGATTCTAGATATCTATATGTATCCTGAATAGGGTT
>HPV47_Beta_333062_nt7184_L1_Tile_rc|1
GGAGACTTTTCAGGACACCTAGTGGCCAAAGATTCTAGATATCTATATGTATCCTGAATA
>HPV47_Beta_333062_nt7189_L1_Tile_rc|1
TTGGAGGAGACTTTTCAGGACACCTAGTGGCCAAAGATTCTAGATATCTATATGTATCCT
>HPV47_Beta_333062_nt7204_L1_Tile_rc|1
GGTCAACCTTCTCTTTTGGAGGAGACTTTTCAGGACACCTAGTGGCCAAAGATTCTAGAT
>HPV47_Beta_333062_nt7214_L1_Tile_rc|1
CCTTTGTAGGGGTCAACCTTCTCTTTTGGAGGAGACTTTTCAGGACACCTAGTGGCCAAA
>HPV47_Beta_333062_nt7224_L1_Tile_rc|1
AAAGTTTAAACCTTTGTAGGGGTCAACCTTCTCTTTTGGAGGAGACTTTTCAGGACACCT
>HPV47_Beta_333062_nt7264_L1_Tile_rc|1
CTAAATCCAGGGAAGGCGCTCTGTCATATCGACATCCCAAAGTTTAAACCTTTGTAGG

>HPV48_Gamma_9628542_nt5248_L1_Tile_rc|1
ATATACATCCGTTTCTTGACGTATTCATCAGTGCGCAACACACGAGCTACTGGTGCAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5253_L1_Tile_rc|1
TAAAAATATACATCCGTTTCTTGACGTATTCATCAGTGCGCAACACACGAGCTACTGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5258_L1_Tile_rc|1
TTGTATAAAAAATATACATCCGTTTCTTGACGTATTCATCAGTGCGCAACACACGAGCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5263_L1_Tile_rc|1
AGTGCTTGTATAAAAAATATACATCCGTTTCTTGACGTATTCATCAGTGCGCAACACACG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5273_L1_Tile_rc|1
AAAGTCTTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATACATCCGTTTCTTGACGTATTCATCAGTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5278_L1_Tile_rc|1
TATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATACATCCGTTTCTTGACGTATTCATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5283_L1_Tile_rc|1
CCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATACATCCGTTTCTTGACGTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5288_L1_Tile_rc|1
GATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATACATCCGTTTCTTGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5293_L1_Tile_rc|1
ATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATACATCCGTTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5298_L1_Tile_rc|1
TCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATACATCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5303_L1_Tile_rc|1
CAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTATAAAAAATATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5308_L1_Tile_rc|1
GTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTATAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5313_L1_Tile_rc|1
TCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5318_L1_Tile_rc|1
TAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5323_L1_Tile_rc|1
TGTTATAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5328_L1_Tile_rc|1
GGTACTGTTATAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5333_L1_Tile_rc|1
CTTTAGGTACTGTTATAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5338_L1_Tile_rc|1
AGAACTTTAGGTACTGTTATAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5343_L1_Tile_rc|1
TTAGCAGAACTTTAGGTACTGTTATAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5348_L1_Tile_rc|1
ATTGATTAGCAGAACTTTAGGTACTGTTATAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAAATAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5353_L1_Tile_rc|1
TCGGTATTGATTAGCAGAACTTTAGGTACTGTTATAGTGTCTCTGTTTTCAACATCAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5373_L1_Tile_rc|1
GGAAGTTTACATCTAAATACTCGGTATTGATTAGCAGAACTTTAGGTACTGTTATAGTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5408_L1_Tile_rc|1
AATTTTTATCAACTAGAGCAAACCTTGTTAGGATCTGGAAGTTTACATCTAAATACTCGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5418_L1_Tile_rc|1
GAATTATATAAATTTTTATCAACTAGAGCAAACCTTGTTAGGATCTGGAAGTTTACATCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5453_L1_Tile_rc|1
AACCAACAAGTTTCCAAACTAAACGTTTCCTTATCTGAATTATATAAATTTTTATCAACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5458_L1_Tile_rc|1
TTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACTAAACGTTTCCTTATCTGAATTATATAAATTTTTATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5463_L1_Tile_rc|1
CCTACTTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACTAAACGTTTCCTTATCTGAATTATATAAATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5483_L1_Tile_rc|1

CGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACTAAACGTTTCCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5488_L1_Tile_rc|1
TCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACTAAACG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5493_L1_Tile_rc|1
GTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5498_L1_Tile_rc|1
GACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAGTTTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5503_L1_Tile_rc|1
AGGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5508_L1_Tile_rc|1
AGTAAAGGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCAAACCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5513_L1_Tile_rc|1
TATTTAGTAAAGGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5518_L1_Tile_rc|1
TATCTTATTTAGTAAAGGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5523_L1_Tile_rc|1
TCCCCTATCTTATTTAGTAAAGGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5588_L1_Tile_rc|1
CCATGGAAACATTTTGTCTCTCATCCTTTGTTTGTCTCTCTAAATAAAAGCTAGGATTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5603_L1_Tile_rc|1
GACTCTGCTTAGGATCCATGGAAACATTTTGTCTCTCATCCTTTGTTTGTCTCTCTAAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5613_L1_Tile_rc|1
ATTAGTATCTGACTCTGCTTAGGATCCATGGAAACATTTTGTCTCTCATCCTTTGTTTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5638_L1_Tile_rc|1
TCCAGTGGCTGGAGCACAACCAACTATTAGTATCTGACTCTGCTTAGGATCCATGGAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5643_L1_Tile_rc|1
TATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACCAACTATTAGTATCTGACTCTGCTTAGGATCCATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5648_L1_Tile_rc|1
CCCAGTATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACCAACTATTAGTATCTGACTCTGCTTAGGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5653_L1_Tile_rc|1
TAAATCCCAGTATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACCAACTATTAGTATCTGACTCTGCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5658_L1_Tile_rc|1
TTAGCTAAATCCCAGTATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACCAACTATTAGTATCTGACTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5663_L1_Tile_rc|1
ATGGTTTAGCTAAATCCCAGTATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACCAACTATTAGTATCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5673_L1_Tile_rc|1
AAATCATTGCATGGTTTAGCTAAATCCCAGTATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACCAACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5698_L1_Tile_rc|1
AATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATCATTGCATGGTTTAGCTAAATCCCAGTATTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5703_L1_Tile_rc|1
AGTTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATCATTGCATGGTTTAGCTAAATCCCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5708_L1_Tile_rc|1
TAACTAGTTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATCATTGCATGGTTTAGCTAAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5713_L1_Tile_rc|1
AGTATTAAGTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATCATTGCATGGTTTAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5723_L1_Tile_rc|1
CCTGAATAACAGTATTAAGTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATCATTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5728_L1_Tile_rc|1
ACCATCCTGAATAACAGTATTAAGTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5733_L1_Tile_rc|1
ATATCACCATCCTGAATAACAGTATTAAGTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5798_L1_Tile_rc|1
GAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGAAAATTAGCAGCCCCAAAGCCTATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5803_L1_Tile_rc|1
CTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGAAAATTAGCAGCCCCAAAGCC

>HPV48_Gamma_9628542_nt5808_L1_Tile_rc|1
ATTAACTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGAAAATTAGCAGCCCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5813_L1_Tile_rc|1
AATCTATTAACCTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGAAAATTAGCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5818_L1_Tile_rc|1
AATAGAATCTATTAACCTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGAAAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5823_L1_Tile_rc|1
ATACTAATAGAATCTATTAACCTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5833_L1_Tile_rc|1
ATCTGGCCATATACTAATAGAATCTATTAACCTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5838_L1_Tile_rc|1
AAAAAATCTGGCCATATACTAATAGAATCTATTAACCTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5843_L1_Tile_rc|1
TCTTTAAAAAATCTGGCCATATACTAATAGAATCTATTAACCTCTAGAGGGACGCCAGCAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5853_L1_Tile_rc|1
TCTTTGGTCATCTTTAAAAAATCTGGCCATATACTAATAGAATCTATTAACCTCTAGAGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5858_L1_Tile_rc|1
AAATATCTTTGGTCATCTTTAAAAAATCTGGCCATATACTAATAGAATCTATTAACCTCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5868_L1_Tile_rc|1
GAGTCTCCATAAAATATCTTTGGTCATCTTTAAAAAATCTGGCCATATACTAATAGAATCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5888_L1_Tile_rc|1
GTTTACCAAAAAAGAAGACAGAGTCTCCATAAATATCTTTGGTCATCTTTAAAAAATCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5893_L1_Tile_rc|1
TTCCCGTTTACCAAAAAAGAAGACAGAGTCTCCATAAATATCTTTGGTCATCTTTAAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5898_L1_Tile_rc|1
CATTGTTCCCGTTTACCAAAAAAGAAGACAGAGTCTCCATAAATATCTTTGGTCATCTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5903_L1_Tile_rc|1
CATAACATTGTTCCCGTTTACCAAAAAAGAAGACAGAGTCTCCATAAATATCTTTGGTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5918_L1_Tile_rc|1
CAAAAAGATGACGAGCATAACATTGTTCCCGTTTACCAAAAAAGAAGACAGAGTCTCCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5928_L1_Tile_rc|1
CCAGCTCTTGCAAAAAGATGACGAGCATAACATTGTTCCCGTTTACCAAAAAAGAAGACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5933_L1_Tile_rc|1
TTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAGATGACGAGCATAACATTGTTCCCGTTTACCAAAAAAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5938_L1_Tile_rc|1
CCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAGATGACGAGCATAACATTGTTCCCGTTTACCAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5948_L1_Tile_rc|1
GTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAGATGACGAGCATAACATTGTTCCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5953_L1_Tile_rc|1
TGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAGATGACGAGCATAACATTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5958_L1_Tile_rc|1
TTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAGATGACGAGCATAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5963_L1_Tile_rc|1
CTCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAGATGACGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5968_L1_Tile_rc|1
ATATACTCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAGATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5973_L1_Tile_rc|1
ATATAATATACTCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5988_L1_Tile_rc|1
GCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5993_L1_Tile_rc|1
GATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5998_L1_Tile_rc|1
GTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6008_L1_Tile_rc|1

AAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCCATTTTCTGTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6013_L1_Tile_rc|1
ATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCCATTTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6018_L1_Tile_rc|1
CCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6023_L1_Tile_rc|1
AAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6028_L1_Tile_rc|1
CACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6033_L1_Tile_rc|1
AAATACACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6038_L1_Tile_rc|1
TTGTAAAATACACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6043_L1_Tile_rc|1
TGGTGTGTGAAAATACACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6058_L1_Tile_rc|1
ATTC AAGGATCCACTTGGTGTGTGAAAATACACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6063_L1_Tile_rc|1
CTAGTATTCAAGGATCCACTTGGTGTGTGAAAATACACAGAAGATCCTAAATGAGAAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6068_L1_Tile_rc|1
AATCGCTAGTATTCAAGGATCCACTTGGTGTGTGAAAATACACAGAAGATCCTAAATGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6178_L1_Tile_rc|1
CACATTATGAGTATTATCAAAAACCTGTAATAAACAGCTCATTTCCCCAACAAATGCCATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6183_L1_Tile_rc|1
AAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACCTGTAATAAACAGCTCATTTCCCCAACAAATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6188_L1_Tile_rc|1
TAGTAAAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACCTGTAATAAACAGCTCATTTCCCCAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6193_L1_Tile_rc|1
ACTAATAGTAAAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACCTGTAATAAACAGCTCATTTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6198_L1_Tile_rc|1
TTAACACTAATAGTAAAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACCTGTAATAAACAGCTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6203_L1_Tile_rc|1
CATTCTTAACACTAATAGTAAAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACCTGTAATAAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6208_L1_Tile_rc|1
TTTATCATTCCTTAACACTAATAGTAAAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACCTGTAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6213_L1_Tile_rc|1
GCAGTTTTTATCATTCCTTAACACTAATAGTAAAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6218_L1_Tile_rc|1
TTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAACACTAATAGTAAAATTCACATTATGAGTATTATCAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6223_L1_Tile_rc|1
TTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAACACTAATAGTAAAATTCACATTATGAGTATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6228_L1_Tile_rc|1
TAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAACACTAATAGTAAAATTCACATTATGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6233_L1_Tile_rc|1
CTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAACACTAATAGTAAAATTCACAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6238_L1_Tile_rc|1
ATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAACACTAATAGTAAAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6243_L1_Tile_rc|1
TAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAACACTAATAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6248_L1_Tile_rc|1
ATTTGTAAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAACACTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6253_L1_Tile_rc|1
ATTATATTTGTAAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCCTTAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6258_L1_Tile_rc|1
GCATTATTATATTTGTAAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTATCATTC

>HPV48_Gamma_9628542_nt6263_L1_Tile_rc|1
AATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGTTTTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6268_L1_Tile_rc|1
TTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAATGCAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6273_L1_Tile_rc|1
TATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAGTTAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6278_L1_Tile_rc|1
GAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATGTAGTTTTTCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6283_L1_Tile_rc|1
ATGTGGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATGTAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6288_L1_Tile_rc|1
TCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6293_L1_Tile_rc|1
ATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6298_L1_Tile_rc|1
TTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6303_L1_Tile_rc|1
TCTATTTTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6308_L1_Tile_rc|1
CCAACTCTATTTTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6313_L1_Tile_rc|1
AAAAACCAACTCTATTTTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6318_L1_Tile_rc|1
AACTGAAAAACCAACTCTATTTTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6323_L1_Tile_rc|1
TGCATAACTGAAAAACCAACTCTATTTTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6348_L1_Tile_rc|1
AGAACATCTGCAGTCAAGTTCACCTTTCGATAACTGAAAAACCAACTCTATTTTCATATTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6353_L1_Tile_rc|1
GTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTTCACCTTTCGATAACTGAAAAACCAACTCTATTTTCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6363_L1_Tile_rc|1
ACGTGTAAATGTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTTCACCTTTCGATAACTGAAAAACCAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6368_L1_Tile_rc|1
TCATAACGTGTAAATGTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTTCACCTTTCGATAACTGAAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6373_L1_Tile_rc|1
GGGATTTCATAACGTGTAAATGTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTTCACCTTTCGATAACTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6378_L1_Tile_rc|1
ATTCTGGGATTTCATAACGTGTAAATGTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTTCACCTTTCGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6383_L1_Tile_rc|1
CTAATATTCTGGGATTTCATAACGTGTAAATGTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTTCACCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6388_L1_Tile_rc|1
CTCCTCTAATATTCTGGGATTTCATAACGTGTAAATGTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6398_L1_Tile_rc|1
CTAATTGCCACTCCTCTAATATTCTGGGATTTCATAACGTGTAAATGTGCCAGAACATCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6458_L1_Tile_rc|1
CCATGGATTTGATATACCTGTAAGTATCTTCAATGCCCGTTGGAGCTGGTGAACAAAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6463_L1_Tile_rc|1
AGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAGTATCTTCAATGCCCGTTGGAGCTGGTGAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6468_L1_Tile_rc|1
CATTTAGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAGTATCTTCAATGCCCGTTGGAGCTGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6473_L1_Tile_rc|1
TAGGGCATTTAGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAGTATCTTCAATGCCCGTTGGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6478_L1_Tile_rc|1
AGCAGTAGGGCATTTAGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAGTATCTTCAATGCCCGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6483_L1_Tile_rc|1

GGTTCAGCAGTAGGGCATTCTAGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAGTATCTTCAATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6488_L1_Tile_rc|1
CTTCTGGTTCAGCAGTAGGGCATTCTAGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAGTATCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6493_L1_Tile_rc|1
GTCTTCTTCTGGTTCAGCAGTAGGGCATTCTAGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6503_L1_Tile_rc|1
ATGGATCTGTGTCTTCTTCTGGTTCAGCAGTAGGGCATTCTAGTAGCCATGGATTTGATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6518_L1_Tile_rc|1
AACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTGGTTCAGCAGTAGGGCATTCTAGTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6528_L1_Tile_rc|1
AAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTGGTTCAGCAGTAGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6533_L1_Tile_rc|1
TATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTGGTTCAGCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6538_L1_Tile_rc|1
TGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTGGTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6543_L1_Tile_rc|1
CGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6548_L1_Tile_rc|1
AGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6553_L1_Tile_rc|1
AGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6558_L1_Tile_rc|1
AAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6563_L1_Tile_rc|1
GACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6568_L1_Tile_rc|1
AAACTGACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6573_L1_Tile_rc|1
AAGGAAAAGTACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6578_L1_Tile_rc|1
GACCCAAGGAAAAGTACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6583_L1_Tile_rc|1
TTTTTCGACCCAAGGAAAAGTACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6588_L1_Tile_rc|1
AAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGTACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6593_L1_Tile_rc|1
GATATAAAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGTACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6598_L1_Tile_rc|1
AGTTTGATATAAAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGTACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6603_L1_Tile_rc|1
AAACAGTTTGATATAAAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGTACTTAAATCAGACGAGAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6613_L1_Tile_rc|1
ACCATTTAACAACAGTTTGATATAAAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGTACTTAAATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6623_L1_Tile_rc|1
TAGCTCGTTTACCATTTAACAACAGTTTGATATAAAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6628_L1_Tile_rc|1
TGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAACAGTTTGATATAAAAAATTTTCGACCCAAGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6633_L1_Tile_rc|1
TAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAACAGTTTGATATAAAAAATTTTCGACCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6638_L1_Tile_rc|1
CTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAACAGTTTGATATAAAAAATTTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6648_L1_Tile_rc|1
GATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAACAGTTTGATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6653_L1_Tile_rc|1
TACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAACAGTTT

>HPV48_Gamma_9628542_nt6658_L1_Tile_rc|1
TCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAAACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6663_L1_Tile_rc|1
GTAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6668_L1_Tile_rc|1
GCTTTGTAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6673_L1_Tile_rc|1
CCTACGCTTTGTAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6678_L1_Tile_rc|1
ACTCTCCTACGCTTTGTAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6683_L1_Tile_rc|1
ATCTTACTCTCCTACGCTTTGTAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6685_L1_Tile_rc|1
CTATCTTACTCTCCTACGCTTTGTAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGT
>HPV49_Beta_9627363_nt5952_L1_Tile_rc|1
TTTGGTACTAAAATTTTAGAATTGTCTGCTGTATCTCTCACATCAAAATATGGATGTCCT
>HPV49_Beta_9627363_nt5957_L1_Tile_rc|1
AAACCTTTGGTACTAAAATTTTAGAATTGTCTGCTGTATCTCTCACATCAAAATATGGAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6167_L1_Tile_rc|1
TATAGTTATTAGCATTTTTCAGTATCTTTGACTTTGTTAAACAATGGATGTCCTGTTGTAC
>HPV49_Beta_9627363_nt6177_L1_Tile_rc|1
GAAGTTACTATATAGTTATTAGCATTTTTCAGTATCTTTGACTTTGTTAAACAATGGATGT
>HPV49_Beta_9627363_nt6182_L1_Tile_rc|2
CTTTAGAAAGTTACTATATAGTTATTAGCATTTTTCAGTATCTTTGACTTTGTTAAACAATG
>HPV49_Beta_9627363_nt6292_L1_Tile_rc|1
ATCTGCATCACAAAGGTTTAGCAGCGTCCCAGTACTCACCCATACAAGGAGTACAACCTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6297_L1_Tile_rc|1
CCAGCATCTGCATCACAAAGGTTTAGCAGCGTCCCAGTACTCACCCATACAAGGAGTACAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6332_L1_Tile_rc|1
AATTGATTAATTCTAATGGAGGGCATTACCTGACCAGCATCTGCATCACAAAGGTTTAG
>HPV49_Beta_9627363_nt6337_L1_Tile_rc|1
AACTGAATTGATTAATTCTAATGGAGGGCATTACCTGACCAGCATCTGCATCACAAAGG
>HPV49_Beta_9627363_nt6392_L1_Tile_rc|1
ATGTCTTATTATTGATATTACCAAAACCTATATCAATCATATCACCATCTTGTATAACTG
>HPV49_Beta_9627363_nt6587_L1_Tile_rc|1
GACCTACAGCAGTATTGGGTATCGCATCCCCTACATTACCACCTCTAACAAAGAAGTGCC
>HPV49_Beta_9627363_nt6592_L1_Tile_rc|1
ATCCTGACCTACAGCAGTATTGGGTATCGCATCCCCTACATTACCACCTCTAACAAAGAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6602_L1_Tile_rc|2
TGTAATTGTTATCCTGACCTACAGCAGTATTGGGTATCGCATCCCCTACATTACCACCTC
>HPV49_Beta_9627363_nt6607_L1_Tile_rc|1
TAATATGTAATTGTTATCCTGACCTACAGCAGTATTGGGTATCGCATCCCCTACATTACC
>HPV49_Beta_9627363_nt6612_L1_Tile_rc|1
GCAGGTAATATGTAATTGTTATCCTGACCTACAGCAGTATTGGGTATCGCATCCCCTACA
>HPV49_Beta_9627363_nt6617_L1_Tile_rc|1
TTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTTATCCTGACCTACAGCAGTATTGGGTATCGCATCCC
>HPV49_Beta_9627363_nt6622_L1_Tile_rc|2
TTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTTATCCTGACCTACAGCAGTATTGGGTATCGC
>HPV49_Beta_9627363_nt6627_L1_Tile_rc|1
GCCTGTTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTTATCCTGACCTACAGCAGTATTGGGT
>HPV49_Beta_9627363_nt6632_L1_Tile_rc|1
TTTGGGCCTGTTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTTATCCTGACCTACAGCAGTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6647_L1_Tile_rc|1
AGCTGCCAAGAGTATTTTGGGCCTGTTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTTATCCT
>HPV49_Beta_9627363_nt6652_L1_Tile_rc|1

GATGGAGCTGCCAAGAGTATTTTGGGCCTGTTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAATTGTT
>HPV49_Beta_9627363_nt6657_L1_Tile_rc|1
AAATAGATGGAGCTGCCAAGAGTATTTTGGGCCTGTTGACTTGCTGCAGGTAATATGTAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6677_L1_Tile_rc|1
AAGAGCCACTGACGGTAGGGAAATAGATGGAGCTGCCAAGAGTATTTTGGGCCTGTTGAC
>HPV49_Beta_9627363_nt6822_L1_Tile_rc|2
CTTACACTAATAGTAAAATTGGTATTTCTGGTATTATCAGCCACTGTTATAAAAAGCTGA
>HPV49_Beta_9627363_nt6827_L1_Tile_rc|1
CCGTACTTACACTAATAGTAAAATTGGTATTTCTGGTATTATCAGCCACTGTTATAAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt6832_L1_Tile_rc|1
GCCATCCGTACTTACACTAATAGTAAAATTGGTATTTCTGGTATTATCAGCCACTGTTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6847_L1_Tile_rc|1
TTCTGTAGGTGTCCTGGCCATCCGTACTTACACTAATAGTAAAATTGGTATTTCTGGTATT
>HPV49_Beta_9627363_nt6852_L1_Tile_rc|1
TCATATTCTGTAGGTGTCTGGCCATCCGTACTTACACTAATAGTAAAATTGGTATTTCTG
>HPV49_Beta_9627363_nt6857_L1_Tile_rc|1
TACTGTCATATTCTGTAGGTGTCTGGCCATCCGTACTTACACTAATAGTAAAATTGGTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt6862_L1_Tile_rc|2
CTTGGTACTGTCATATTCTGTAGGTGTCTGGCCATCCGTACTTACACTAATAGTAAAATT
>HPV49_Beta_9627363_nt6867_L1_Tile_rc|1
CTAACCTTGGTACTGTCATATTCTGTAGGTGTCTGGCCATCCGTACTTACACTAATAGTA
>HPV49_Beta_9627363_nt7052_L1_Tile_rc|1
ATGTAAGATACCTATATGTGTCATGTATAGGATTATCAGGGGTAGGAACAAATCCCAATT
>HPV49_Beta_9627363_nt7057_L1_Tile_rc|1
CTGTGATGTAAGATACCTATATGTGTCATGTATAGGATTATCAGGGGTAGGAACAAATCC
>HPV49_Beta_9627363_nt7067_L1_Tile_rc|1
ATCGTGTTGCCTGTGATGTAAGATACCTATATGTGTCATGTATAGGATTATCAGGGGTAG
>HPV49_Beta_9627363_nt7072_L1_Tile_rc|1
AGGGCATCGTGTTGCCTGTGATGTAAGATACCTATATGTGTCATGTATAGGATTATCAGG
>HPV49_Beta_9627363_nt7077_L1_Tile_rc|1
TTGTCAGGGCATCGTGTTGCCTGTGATGTAAGATACCTATATGTGTCATGTATAGGATTA
>HPV49_Beta_9627363_nt7082_L1_Tile_rc|2
GTTGTTTGTGTCAGGGCATCGTGTTGCCTGTGATGTAAGATACCTATATGTGTCATGTATAG
>HPV49_Beta_9627363_nt7087_L1_Tile_rc|1
AGCAGGTTGTTTGTGTCAGGGCATCGTGTTGCCTGTGATGTAAGATACCTATATGTGTCATG
>HPV49_Beta_9627363_nt7097_L1_Tile_rc|1
TCCTTTCTGGAGCAGGTTGTTTGTGTCAGGGCATCGTGTTGCCTGTGATGTAAGATACCTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt7112_L1_Tile_rc|1
GTCATATGGATCTTTCCTTTCTGGAGCAGGTTGTTTGTGTCAGGGCATCGTGTTGCCTGTG
>HPV49_Beta_9627363_nt7117_L1_Tile_rc|1
ATACTGCTCATATGGATCTTTCCTTTCTGGAGCAGGTTGTTTGTGTCAGGGCATCGTGTTGC
>HPV49_Beta_9627363_nt7122_L1_Tile_rc|2
AAGTTATACTGCTCATATGGATCTTTCCTTTCTGGAGCAGGTTGTTTGTGTCAGGGCATCGT
>HPV49_Beta_9627363_nt7232_L1_Tile_rc|1
ATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTGTAGCCAGCTTGAAATAAAAACTTCTTCCTAAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt7242_L1_Tile_rc|2
GCAGCAGAGGATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTGTAGCCAGCTTGAAATAAAAACTTT
>HPV49_Beta_9627363_nt7247_L1_Tile_rc|1
CTCTAGCAGCAGAGGATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTGTAGCCAGCTTGAAATAAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt7252_L1_Tile_rc|1
GGAAGCTCTAGCAGCAGAGGATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTGTAGCCAGCTTGAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt7257_L1_Tile_rc|1
CGTGTGGAAGCTCTAGCAGCAGAGGATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTGTAGCCAGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt7262_L1_Tile_rc|2
TACCCCGTGTGGAAGCTCTAGCAGCAGAGGATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTGTAGCC

>HPV49_Beta_9627363_nt7267_L1_Tile_rc|1
TTTAATACCCCGTGTGGAAGCTCTAGCAGCAGAGGATTTAGACACTCTAGAAGCCCGTTG
>HPV49_Beta_9627363_nt7282_L1_Tile_rc|2
TCATCTCCGTTTTCTGTTTAATACCCCGTGTGGAAGCTCTAGCAGCAGAGGATTTAGACAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5232_L1_Tile_rc|1
GGCAACAGGAGTACTTGGTGGAAGGTATAACTTTCCAGAGGTTGAGGACCAATGAGCCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5237_L1_Tile_rc|1
ACTCTGGCAACAGGAGTACTTGGTGGAAGGTATAACTTTCCAGAGGTTGAGGACCAATGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5242_L1_Tile_rc|2
TTAAAACTCTGGCAACAGGAGTACTTGGTGGAAGGTATAACTTTCCAGAGGTTGAGGACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5247_L1_Tile_rc|1
GGTGCTTAAAACTCTGGCAACAGGAGTACTTGGTGGAAGGTATAACTTTCCAGAGGTTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5272_L1_Tile_rc|1
CATCAGTTTCTTTTCACATATTCATCGGTGCTTAAAACTCTGGCAACAGGAGTACTTGGTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5277_L1_Tile_rc|1
GTAAACATCAGTTTCTTTTCACATATTCATCGGTGCTTAAAACTCTGGCAACAGGAGTACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5322_L1_Tile_rc|2
ATATGGGTGTCCCACAATTAGTAAACGCTCACTGCGTGCATGAAAGTAAACATCAGTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5347_L1_Tile_rc|1
TATCTCCACCATCTTCTATATCATAATATGGGTGTCCCACAATTAGTAAACGCTCACTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5352_L1_Tile_rc|1
TTTGATATCTCCACCATCTTCTATATCATAATATGGGTGTCCCACAATTAGTAAACGCTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5357_L1_Tile_rc|1
GGAACCTTTGATATCTCCACCATCTTCTATATCATAATATGGGTGTCCCACAATTAGTAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5362_L1_Tile_rc|2
CTTTAGGAACTTTGATATCTCCACCATCTTCTATATCATAATATGGGTGTCCCACAATTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5372_L1_Tile_rc|1
TTTGCTGATACTTTAGGAACTTTGATATCTCCACCATCTTCTATATCATAATATGGGTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5377_L1_Tile_rc|1
ATTGATTTGCTGATACTTTAGGAACTTTGATATCTCCACCATCTTCTATATCATAATATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5397_L1_Tile_rc|1
TTCACAACGAAAACTCTGTATTGATTGTGCTGATACTTTAGGAACTTTGATATCTCCACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5482_L1_Tile_rc|2
TACCTACTAGTTTCCAAACCAAACGTTCTGTATCTGAGTTATACAATGTAGTATCAATTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5487_L1_Tile_rc|1
TTCTATACCTACTAGTTTCCAAACCAAACGTTCTGTATCTGAGTTATACAATGTAGTATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5492_L1_Tile_rc|1
CCGACTTCTATACCTACTAGTTTCCAAACCAAACGTTCTGTATCTGAGTTATACAATGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5497_L1_Tile_rc|1
CTCTCCCGACTTCTATACCTACTAGTTTCCAAACCAAACGTTCTGTATCTGAGTTATACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5507_L1_Tile_rc|1
AAAGGCCACCTCTCCCGACTTCTATACCTACTAGTTTCCAAACCAAACGTTCTGTATCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5522_L1_Tile_rc|2
GTAGATCCAACACCTAAAGGCCACCTCTCCCGACTTCTATACCTACTAGTTTCCAAACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5527_L1_Tile_rc|1
GACCAGTAGATCCAACACCTAAAGGCCACCTCTCCCGACTTCTATACCTACTAGTTTCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5617_L1_Tile_rc|1
CTATAGACAAGTTTTGTCTTTTCATCTTTTCTTGTGGACCTAAGTAAAAGCTAGGATTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5622_L1_Tile_rc|2
AGGATCTATAGACAAGTTTTGTCTTTTCATCTTTTCTTGTGGACCTAAGTAAAAGCTAGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5632_L1_Tile_rc|1
GTGTTTGTTTAGGATCTATAGACAAGTTTTGTCTTTTCATCTTTTCTTGTGGACCTAAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5642_L1_Tile_rc|2
ATCAATAACTGTGTTTGTTTAGGATCTATAGACAAGTTTTGTCTTTTCATCTTTTCTTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5647_L1_Tile_rc|1

CTACAATCAATAACTGTGTTTGTGTTAGGATCTATAGACAAGTTTTGTCTTTCATCTTTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5652_L1_Tile_rc|1
GCAGCCTACAATCAATAACTGTGTTTGTGTTAGGATCTATAGACAAGTTTTGTCTTTCATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5667_L1_Tile_rc|1
ACCAACAGCTGGTTTGCAGCCTACAATCAATAACTGTGTTTGTGTTAGGATCTATAGACAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5687_L1_Tile_rc|1
TCTGCTAAATCCCAATATTCACCAACAGCTGGTTTGCAGCCTACAATCAATAACTGTGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5692_L1_Tile_rc|1
AAGGTTCTGCTAAATCCCAATATTCACCAACAGCTGGTTTGCAGCCTACAATCAATAACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5702_L1_Tile_rc|2
TTTTTGTGTCACAAGGTTCTGCTAAATCCCAATATTCACCAACAGCTGGTTTGCAGCCTACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5717_L1_Tile_rc|1
CCATTATTTAAGCTGTTTTTGTGTCACAAGGTTCTGCTAAATCCCAATATTCACCAACAGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5742_L1_Tile_rc|2
TACTAGTTGTATTGGAGGACACTTGCCATTATTTAAGCTGTTTTTGTGTCACAAGGTTCTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5747_L1_Tile_rc|1
CTGTTTACTAGTTGTATTGGAGGACACTTGCCATTATTTAAGCTGTTTTTGTGTCACAAGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5752_L1_Tile_rc|1
TATAACTGTTTACTAGTTGTATTGGAGGACACTTGCCATTATTTAAGCTGTTTTTGTGTCAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5757_L1_Tile_rc|1
CTGAATATAACTGTTTACTAGTTGTATTGGAGGACACTTGCCATTATTTAAGCTGTTTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5827_L1_Tile_rc|1
CCCCTGCTCTGCTCTGTTGTAGTTTAGGAAAGTTTGCATTACCAAATCCTATATCTCCCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5832_L1_Tile_rc|1
AGGGACCCCTGCTCTGCTCTGTTGTAGTTTAGGAAAGTTTGCATTACCAAATCCTATATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5837_L1_Tile_rc|1
TCTAAAGGGACCCCTGCTCTGCTCTGTTGTAGTTTAGGAAAGTTTGCATTACCAAATCCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5847_L1_Tile_rc|1
ATCCACTATATCTAAAGGGACCCCTGCTCTGCTCTGTTGTAGTTTAGGAAAGTTTGCATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5852_L1_Tile_rc|1
ATTGAATCCACTATATCTAAAGGGACCCCTGCTCTGCTCTGTTGTAGTTTAGGAAAGTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5862_L1_Tile_rc|2
CCATAAGCTGATTGAATCCACTATATCTAAAGGGACCCCTGCTCTGCTCTGTTGTAGTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5872_L1_Tile_rc|1
ATAGATCAGGCCATAAGCTGATTGAATCCACTATATCTAAAGGGACCCCTGCTCTGCTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5882_L1_Tile_rc|2
GTCATTTTTTAATAGATCAGGCCATAAGCTGATTGAATCCACTATATCTAAAGGGACCCCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5887_L1_Tile_rc|1
CTTTAGTCATTTTTTAATAGATCAGGCCATAAGCTGATTGAATCCACTATATCTAAAGGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5892_L1_Tile_rc|1
GACATCTTTAGTCATTTTTTAATAGATCAGGCCATAAGCTGATTGAATCCACTATATCTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5897_L1_Tile_rc|1
CCATAGACATCTTTAGTCATTTTTTAATAGATCAGGCCATAAGCTGATTGAATCCACTATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5902_L1_Tile_rc|2
GGTCCCACATAGACATCTTTAGTCATTTTTTAATAGATCAGGCCATAAGCTGATTGAATCCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5917_L1_Tile_rc|1
CATAGAAAAACACATGGTCCCACATAGACATCTTTAGTCATTTTTTAATAGATCAGGCCATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5927_L1_Tile_rc|1
TCTTGCTTTGCATAGAAAAACACATGGTCCCACATAGACATCTTTAGTCATTTTTTAATAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5937_L1_Tile_rc|1
ATATAATTGCTCTTGCTTTGCATAGAAAAACACATGGTCCCACATAGACATCTTTAGTCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5977_L1_Tile_rc|1
GTTCCCCAATTGGTCCTGCATGGGTAAACAAATGTCTGGCATATAATTGCTCTTGCTTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5982_L1_Tile_rc|2
TATAGGTTCCCCAATTGGTCCTGCATGGGTAAACAAATGTCTGGCATATAATTGCTCTTG

>HPV50_Gamma_9628550_nt5987_L1_Tile_rc|1
TTAGGTATAGGTTCCCCAATTGGTCCTGCATGGGTAAACAAATGTCTGGCATATAATTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5992_L1_Tile_rc|1
AGACATTAGGTATAGGTTCCCCAATTGGTCCTGCATGGGTAAACAAATGTCTGGCATATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5997_L1_Tile_rc|1
TCCTGAGACATTAGGTATAGGTTCCCCAATTGGTCCTGCATGGGTAAACAAATGTCTGGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6002_L1_Tile_rc|2
TAAACTCCTGAGACATTAGGTATAGGTTCCCCAATTGGTCCTGCATGGGTAAACAAATGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6007_L1_Tile_rc|1
AATTATAAACTCCTGAGACATTAGGTATAGGTTCCCCAATTGGTCCTGCATGGGTAAACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6022_L1_Tile_rc|2
TAGGGTTTACTGCATAATTATAAACTCCTGAGACATTAGGTATAGGTTCCCCAATTGGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6027_L1_Tile_rc|1
TTGATTAGGGTTTACTGCATAATTATAAACTCCTGAGACATTAGGTATAGGTTCCCCAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6032_L1_Tile_rc|1
TCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCATAATTATAAACTCCTGAGACATTAGGTATAGGTTCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6037_L1_Tile_rc|1
TTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCATAATTATAAACTCCTGAGACATTAGGTATAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6042_L1_Tile_rc|2
ACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCATAATTATAAACTCCTGAGACATTAGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6047_L1_Tile_rc|1
GTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCATAATTATAAACTCCTGAGACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6057_L1_Tile_rc|1
ACCAATATTGGTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCATAATTATAAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6062_L1_Tile_rc|2
TAGGAACCAATATTGGTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCATAATTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6067_L1_Tile_rc|1
ATAAGTAGGAACCAATATTGGTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTACTGCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6072_L1_Tile_rc|1
AAAATATAAGTAGGAACCAATATTGGTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGGTTTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6077_L1_Tile_rc|1
GTAGTAAATATAAGTAGGAACCAATATTGGTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGATTAGGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6082_L1_Tile_rc|2
TTGGTGTAGTAAATATAAGTAGGAACCAATATTGGTTCTACGATTTTGCTCTGGTTGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6092_L1_Tile_rc|1
AAAGATCCACTTGGTGTAGTAAATATAAGTAGGAACCAATATTGGTTCTACGATTTTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6097_L1_Tile_rc|1
TATTTAAAGATCCACTTGGTGTAGTAAATATAAGTAGGAACCAATATTGGTTCTACGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6102_L1_Tile_rc|2
GCTTGTATTTAAAGATCCACTTGGTGTAGTAAATATAAGTAGGAACCAATATTGGTTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6107_L1_Tile_rc|1
GAACTGCTTGTATTTAAAGATCCACTTGGTGTAGTAAATATAAGTAGGAACCAATATTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6112_L1_Tile_rc|1
ACTGTGAAGTCTTGTATTTAAAGATCCACTTGGTGTAGTAAATATAAGTAGGAACCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6117_L1_Tile_rc|1
AAATAACTGTGAAGTCTTGTATTTAAAGATCCACTTGGTGTAGTAAATATAAGTAGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6137_L1_Tile_rc|1
CGAATCCAATATGGTCTATTAAATAACTGTGAAGTCTTGTATTTAAAGATCCACTTGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6207_L1_Tile_rc|1
GGTGTATCAAATACTGTAACAAATACCTCATTACCCCAACAAATACAATTGTTTCGTACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6217_L1_Tile_rc|1
TAATGTTTCTGGTGTATCAAATACTGTAACAAATACCTCATTACCCCAACAAATACAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6222_L1_Tile_rc|2
AAAGTTAATGTTTCTGGTGTATCAAATACTGTAACAAATACCTCATTACCCCAACAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6227_L1_Tile_rc|1

ATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGTTATCAAATACTGTAACAAATACCTCATTACCCCCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6232_L1_Tile_rc|1
CACTAATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGTTATCAAATACTGTAACAAATACCTCATTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6237_L1_Tile_rc|1
CTTAACACTAATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGTTATCAAATACTGTAACAAATACCTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6242_L1_Tile_rc|2
TCTTTCTTAACACTAATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGTTATCAAATACTGTAACAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6247_L1_Tile_rc|1
TGACATCTTTCTTAACACTAATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGTTATCAAATACTGTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6252_L1_Tile_rc|1
AGGATTGACATCTTTCTTAACACTAATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGTTATCAAATAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6257_L1_Tile_rc|1
TCCAAAGGATTGACATCTTTCTTAACACTAATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGTTATCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6262_L1_Tile_rc|2
AAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCTTAACACTAATATTAAAGTTAATGTTTCTGGTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6267_L1_Tile_rc|1
ATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCTTAACACTAATATTAAAGTTAATGTTTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6272_L1_Tile_rc|1
GCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCTTAACACTAATATTAAAGTTAATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6277_L1_Tile_rc|1
AACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCTTAACACTAATATTAAAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6287_L1_Tile_rc|1
TACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCTTAACACTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6292_L1_Tile_rc|1
TTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTTCTTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6297_L1_Tile_rc|1
ATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACATCTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6302_L1_Tile_rc|2
AAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGATTGACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6307_L1_Tile_rc|1
GATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTAAAGGATCCAAAGGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6322_L1_Tile_rc|2
TATGACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTACATTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6327_L1_Tile_rc|1
TTCAGTATGACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTTGCTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6332_L1_Tile_rc|1
TATTCTTCAGTATGACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAGAACTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6337_L1_Tile_rc|1
ATTCATATTCTTCAGTATGACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACATATAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6342_L1_Tile_rc|2
TTCTAATTCATATTCTTCAGTATGACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAGTACAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6347_L1_Tile_rc|1
ATAAATTCTAATTCATATTCTTCAGTATGACGGCTGTACTGATTAAAATCATCCTTTGAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6387_L1_Tile_rc|1
TAATATATCAGCATCCAATCCTACTTTACATAACTGAAATATAAATTCTAATTCATATTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6392_L1_Tile_rc|1
TGAGCTAATATATCAGCATCCAATCCTACTTTACATAACTGAAATATAAATTCTAATTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6397_L1_Tile_rc|1
TAAGATGAGCTAATATATCAGCATCCAATCCTACTTTACATAACTGAAATATAAATTCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6402_L1_Tile_rc|2
TACATTAAGATGAGCTAATATATCAGCATCCAATCCTACTTTACATAACTGAAATATAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6407_L1_Tile_rc|1
TCCATTACATTAAGATGAGCTAATATATCAGCATCCAATCCTACTTTACATAACTGAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6417_L1_Tile_rc|1
AATTCTGGGGTCCATTACATTAAGATGAGCTAATATATCAGCATCCAATCCTACTTTACA

>HPV50_Gamma_9628550_nt6422_L1_Tile_rc|2
TCCAAAATTCTGGGGTCCATTACATTAAGATGAGCTAATATATCAGCATCCAATCCTACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6427_L1_Tile_rc|1
AATTTTCCAAAATTCTGGGGTCCATTACATTAAGATGAGCTAATATATCAGCATCCAATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6432_L1_Tile_rc|1
TTGCCAATTTTCCAAAATTCTGGGGTCCATTACATTAAGATGAGCTAATATATCAGCATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6437_L1_Tile_rc|1
GCTAATTGCCAATTTTCCAAAATTCTGGGGTCCATTACATTAAGATGAGCTAATATATCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6442_L1_Tile_rc|2
CATAAGCTAATTGCCAATTTTCCAAAATTCTGGGGTCCATTACATTAAGATGAGCTAATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6447_L1_Tile_rc|1
TGGAACATAAGCTAATTGCCAATTTTCCAAAATTCTGGGGTCCATTACATTAAGATGAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6472_L1_Tile_rc|1
TATCGCCTATACCACTGGGAGCTGGTGGAACATAAGCTAATTGCCAATTTTCCAAAATTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6522_L1_Tile_rc|2
ACTGTCTTTTGCAGGACATTTTGTAGCATCAGATTTTAAGTATCTGTAAGTATCGCCTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6527_L1_Tile_rc|1
GCGCTACTGTCTTTTGCAGGACATTTTGTAGCATCAGATTTTAAGTATCTGTAAGTATCG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6532_L1_Tile_rc|1
CTTCGGCGCTACTGTCTTTTGCAGGACATTTTGTAGCATCAGATTTTAAGTATCTGTAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6537_L1_Tile_rc|1
TACTACTTCGGCGCTACTGTCTTTTGCAGGACATTTTGTAGCATCAGATTTTAAGTATCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6542_L1_Tile_rc|2
GGGTCTACTACTTCGGCGCTACTGTCTTTTGCAGGACATTTTGTAGCATCAGATTTTAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6547_L1_Tile_rc|1
TATAAGGGTCTACTACTTCGGCGCTACTGTCTTTTGCAGGACATTTTGTAGCATCAGATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6552_L1_Tile_rc|1
TTCTTTTATAAGGGTCTACTACTTCGGCGCTACTGTCTTTTGCAGGACATTTTGTAGCATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6572_L1_Tile_rc|1
TTGACATTCCAAAAGTATATTCTTTTATAAGGGTCTACTACTTCGGCGCTACTGTCTTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6587_L1_Tile_rc|1
AACTTTTCTGTAAGGTTGACATTCCAAAAGTATATTCTTTTATAAGGGTCTACTACTTCG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6592_L1_Tile_rc|1
ACGAAAACCTTTTCTGTAAGGTTGACATTCCAAAAGTATATTCTTTTATAAGGGTCTACTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6597_L1_Tile_rc|1
TTCAGACGAAAACCTTTTCTGTAAGGTTGACATTCCAAAAGTATATTCTTTTATAAGGGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6602_L1_Tile_rc|2
TCAAGTTCAGACGAAAACCTTTTCTGTAAGGTTGACATTCCAAAAGTATATTCTTTTATAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6607_L1_Tile_rc|1
ACTGATCAAGTTCAGACGAAAACCTTTTCTGTAAGGTTGACATTCCAAAAGTATATTCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6612_L1_Tile_rc|1
GGCATACTGATCAAGTTCAGACGAAAACCTTTTCTGTAAGGTTGACATTCCAAAAGTATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6617_L1_Tile_rc|1
CCTAGGGCATACTGATCAAGTTCAGACGAAAACCTTTTCTGTAAGGTTGACATTCCAAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6627_L1_Tile_rc|1
AAATTTTCGTCCCTAGGGCATACTGATCAAGTTCAGACGAAAACCTTTTCTGTAAGGTTGAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6642_L1_Tile_rc|2
TCCAGTCTGAAACAAAATTTTCGTCCCTAGGGCATACTGATCAAGTTCAGACGAAAACCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6647_L1_Tile_rc|1
AATAATCCAGTCTGAAACAAAATTTTCGTCCCTAGGGCATACTGATCAAGTTCAGACGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6652_L1_Tile_rc|1
TCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAAAATTTTCGTCCCTAGGGCATACTGATCAAGTTCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6657_L1_Tile_rc|1
TCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAAAATTTTCGTCCCTAGGGCATACTGATCAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6662_L1_Tile_rc|2

CTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAAAAATTTTCGTCCTAGGGCATACTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6667_L1_Tile_rc|1
CAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAAAAATTTTCGTCCTAGGGCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6672_L1_Tile_rc|1
GTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAAAAATTTTCGTCCTAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6677_L1_Tile_rc|1
ACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAAAAATTTTCGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6682_L1_Tile_rc|2
TAGCAACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAAAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6687_L1_Tile_rc|1
AACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGAAACAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6692_L1_Tile_rc|1
TTGGAAACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAGTCTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6697_L1_Tile_rc|1
TTGGTTTGGAACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAATCCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6702_L1_Tile_rc|2
CTTGTTTGGTTTGGAACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTTAATAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6707_L1_Tile_rc|1
TTTCTCTTGTTTGGTTTGGAACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTCTCTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6712_L1_Tile_rc|1
TACGTTTTCTCTTGTTTGGTTTGGAACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTTCTAACTCTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6720_L1_Tile_rc|1
TTATCTGGTACGTTTTCTCTTGTTTGGTTTGGAACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTTCT
>HPV51_Alpha_333087_nt5667_L1_Tile_rc|1
ATTGAAATGCAGATACTTTAGGAATAGCAGCACGCGTTGAGGTTTTAGGTATTGGAAAAT
>HPV51_Alpha_333087_nt5892_L1_Tile_rc|1
CTCTAACATCTTGTTGTGCATTGCCATTTGCTATGCGTGAATTTTCTGTGTCATCATATT
>HPV51_Alpha_333087_nt5897_L1_Tile_rc|1
GTTATCTCTAACATCTTGTTGTGCATTGCCATTTGCTATGCGTGAATTTTCTGTGTCATC
>HPV51_Alpha_333087_nt5902_L1_Tile_rc|2
GATGTGTTATCTCTAACATCTTGTTGTGCATTGCCATTTGCTATGCGTGAATTTTCTGTG
>HPV51_Alpha_333087_nt5907_L1_Tile_rc|1
CAACAGATGTGTTATCTCTAACATCTTGTTGTGCATTGCCATTTGCTATGCGTGAATTTT
>HPV51_Alpha_333087_nt5912_L1_Tile_rc|1
GTTGTCAACAGATGTGTTATCTCTAACATCTTGTTGTGCATTGCCATTTGCTATGCGTGA
>HPV51_Alpha_333087_nt6027_L1_Tile_rc|1
GTTCCAGGGGGGGCAGTCTCCTGGAGGTACAGGTGTGTTTTTGCATGTAGTGCCAATAC
>HPV51_Alpha_333087_nt6032_L1_Tile_rc|1
TACAAGTTCCAGGGGGGGCAGTCTCCTGGAGGTACAGGTGTGTTTTTGCATGTAGTGCC
>HPV51_Alpha_333087_nt6272_L1_Tile_rc|1
AATGTCTTCCCCAACACCTACAAGTTTATTATAATAGTGCCTAGCAAAGATTTGCTCCCT
>HPV51_Alpha_333087_nt6282_L1_Tile_rc|2
AATCGTTAGGAATGTCTTCCCCAACACCTACAAGTTTATTATAATAGTGCCTAGCAAAGA
>HPV51_Alpha_333087_nt6287_L1_Tile_rc|1
ATAATAATCGTTAGGAATGTCTTCCCCAACACCTACAAGTTTATTATAATAGTGCCTAGC
>HPV51_Alpha_333087_nt6292_L1_Tile_rc|1
TTAATATAATAATCGTTAGGAATGTCTTCCCCAACACCTACAAGTTTATTATAATAGTGC
>HPV51_Alpha_333087_nt6297_L1_Tile_rc|1
TACCCCTAATATAATAATCGTTAGGAATGTCTTCCCCAACACCTACAAGTTTATTATAAT
>HPV51_Alpha_333087_nt6302_L1_Tile_rc|2
ACCACTACCCCTAATATAATAATCGTTAGGAATGTCTTCCCCAACACCTACAAGTTTATT
>HPV51_Alpha_333087_nt6307_L1_Tile_rc|1
CCATTACCACTACCCCTAATATAATAATCGTTAGGAATGTCTTCCCCAACACCTACAAGT
>HPV51_Alpha_333087_nt6312_L1_Tile_rc|1
CACGGCCATTACCACTACCCCTAATATAATAATCGTTAGGAATGTCTTCCCCAACACCTA

>HPV51_Alpha_333087_nt6517_L1_Tile_rc|1
GAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAATAGTTAAATTTGTACTTCTGGTAGTATCAACACAG
>HPV51_Alpha_333087_nt6522_L1_Tile_rc|2
TTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAATAGTTAAATTTGTACTTCTGGTAGTATCAA
>HPV51_Alpha_333087_nt6527_L1_Tile_rc|1
AAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAATAGTTAAATTTGTACTTCTGGTAGT
>HPV51_Alpha_333087_nt6532_L1_Tile_rc|1
GGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAATAGTTAAATTTGTACTTCTG
>HPV51_Alpha_333087_nt6537_L1_Tile_rc|1
TACTTGGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAATAGTTAAATTTGTAC
>HPV51_Alpha_333087_nt6542_L1_Tile_rc|2
AAAGTTACTTGGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAATAGTTAAATT
>HPV51_Alpha_333087_nt6547_L1_Tile_rc|1
TGCTTAAAGTTACTTGGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAATAGTT
>HPV51_Alpha_333087_nt6552_L1_Tile_rc|1
TATATTGCTTAAAGTTACTTGGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGTGCTAA
>HPV51_Alpha_333087_nt6557_L1_Tile_rc|1
CCTAATATATTGCTTAAAGTTACTTGGAGTAAATGTTGGGGAAACCGCAGCAGTGGCAGT
>HPV51_Alpha_333087_nt6652_L1_Tile_rc|1
GTAGGATCCATTGTGTGTAAATAAGCCATTACCTCTGTAGTTAAAGTAATTTTACATAAT
>HPV51_Alpha_333087_nt6667_L1_Tile_rc|1
CACTGTTCAAGAATGGTAGGATCCATTGTGTGTAAATAAGCCATTACCTCTGTAGTTAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt5756_L1_Tile_rc|1
CACTACTGGTGTTTTTAATAGAAAAATAGGGATGTCCTACTGTTAGTAATCGAGAACTGC
>HPV52_Alpha_397038_nt5761_L1_Tile_rc|1
ATTACCACTACTGGTGTTTTTAATAGAAAAATAGGGATGTCCTACTGTTAGTAATCGAGA
>HPV52_Alpha_397038_nt5771_L1_Tile_rc|1
CTTTTTTACCATTACCCTACTGGTGTTTTTAATAGAAAAATAGGGATGTCCTACTGTTA
>HPV52_Alpha_397038_nt5776_L1_Tile_rc|1
TAAAACTTTTTTACCATTACCCTACTGGTGTTTTTAATAGAAAAATAGGGATGTCCTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt5781_L1_Tile_rc|1
GGAACATAAACTTTTTTACCATTACCCTACTGGTGTTTTTAATAGAAAAATAGGGATGT
>HPV52_Alpha_397038_nt5791_L1_Tile_rc|1
AGACACCTTGGGAATAAACTTTTTTACCATTACCCTACTGGTGTTTTTAATAGAAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6021_L1_Tile_rc|1
TTATCTATACCAGGTTTACCAGCATATTTGTTACTGGTTTCAGTATCATCAAACCTTGTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt6131_L1_Tile_rc|1
CTGAATTATTATTACAAGGGGTTCCCTTACCCCAATGTTACCTATAGGAGGTTTGCATC
>HPV52_Alpha_397038_nt6156_L1_Tile_rc|1
AGGGGAGGACAATCCCCAGGATTTCTGAATTATTATTACAAGGGGTTCCCTTACCCCAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6161_L1_Tile_rc|1
GCTGTAGGGGAGGACAATCCCCAGGATTTCTGAATTATTATTACAAGGGGTTCCCTTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6166_L1_Tile_rc|1
AATGAGCTGTAGGGGAGGACAATCCCCAGGATTTCTGAATTATTATTACAAGGGGTTCC
>HPV52_Alpha_397038_nt6171_L1_Tile_rc|1
CTGTTAATGAGCTGTAGGGGAGGACAATCCCCAGGATTTCTGAATTATTATTACAAGGG
>HPV52_Alpha_397038_nt6176_L1_Tile_rc|1
TTACACTGTTAATGAGCTGTAGGGGAGGACAATCCCCAGGATTTCTGAATTATTATTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6436_L1_Tile_rc|1
GTTAGACCCTTGATATATATAAATCACCTGGCACAGGGTCACCTAAGGTACCGGCCCTATT
>HPV52_Alpha_397038_nt6446_L1_Tile_rc|1
TATTGCCAGAGTTAGACCCTTGATATATATAAATCACCTGGCACAGGGTCACCTAAGGTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6451_L1_Tile_rc|1
GGCAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGATATATATAAATCACCTGGCACAGGGTCACCTAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6461_L1_Tile_rc|1

TTTGTACAGTGGCAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAAATCACCTGGCACAG
>HPV52_Alpha_397038_nt6466_L1_Tile_rc|1
ACTGCTTTGTACAGTGGCAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAAATCACCTGG
>HPV52_Alpha_397038_nt6471_L1_Tile_rc|1
AAAGCACTGCTTTGTACAGTGGCAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAAATCA
>HPV52_Alpha_397038_nt6671_L1_Tile_rc|1
TTTCATTTTTATATGTGCTTTTCCTTTTTAACCTCAGCACATAAAGTCATGTTAGTGCTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6781_L1_Tile_rc|1
ATCCATCTTATGAATGTATGTCATAACATCAGCTGTTAATGTAATTTTGCACAATTGAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt6786_L1_Tile_rc|1
GTGGCATCCATCTTATGAATGTATGTCATAACATCAGCTGTTAATGTAATTTTGCACAAT
>HPV52_Alpha_397038_nt6791_L1_Tile_rc|1
AAATAGTGGCATCCATCTTATGAATGTATGTCATAACATCAGCTGTTAATGTAATTTTGC
>HPV52_Alpha_397038_nt6891_L1_Tile_rc|1
GTGTTTTTTTGACAAGTTATAGCAGTAGAAGTGACAAATCTGTATGTGTCTCCAAAGAT
>HPV52_Alpha_397038_nt6906_L1_Tile_rc|1
TTTCCTTTAGGTGGTGTGTTTTTTTGACAAGTTATAGCAGTAGAAGTGACAAATCTGTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt6911_L1_Tile_rc|1
CTTCCTTTCCCTTTAGGTGGTGTGTTTTTTTGACAAGTTATAGCAGTAGAAGTGACAAATC
>HPV52_Alpha_397038_nt6916_L1_Tile_rc|1
AGGATCTTCCTTTCCCTTTAGGTGGTGTGTTTTTTTGACAAGTTATAGCAGTAGAAGTGAC
>HPV52_Alpha_397038_nt6931_L1_Tile_rc|1
CATATAGTCCCTTTAAAGGATCTTCCTTTCCCTTTAGGTGGTGTGTTTTTTTGACAAGTTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt7041_L1_Tile_rc|1
CGTTTTAGTTTGGGCCTAGCCTGTAGCCCTGCCTGTAACAAAAACTTCCTACCTAAAGGA
>HPV52_Alpha_397038_nt7046_L1_Tile_rc|1
CAGGGCGTTTTAGTTTGGGCCTAGCCTGTAGCCCTGCCTGTAACAAAAACTTCCTACCTA
>HPV52_Alpha_397038_nt7051_L1_Tile_rc|1
TGATGCAGGGCGTTTTAGTTTGGGCCTAGCCTGTAGCCCTGCCTGTAACAAAAACTTCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt7056_L1_Tile_rc|1
GCCGATGATGCAGGGCGTTTTAGTTTGGGCCTAGCCTGTAGCCCTGCCTGTAACAAAAAC
>HPV52_Alpha_397038_nt7071_L1_Tile_rc|1
GTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGGGCGTTTTAGTTTGGGCCTAGCCTGTAGCCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt7076_L1_Tile_rc|1
TCTTTGTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGGGCGTTTTAGTTTGGGCCTAGCCTGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt7081_L1_Tile_rc|1
TTTCTTCTTTGTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGGGCGTTTTAGTTTGGGCCTAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt7086_L1_Tile_rc|1
ACCTTTTTCTTCTTTGTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGGGCGTTTTAGTTTGGGC
>HPV52_Alpha_397038_nt7091_L1_Tile_rc|1
TTTTAACCTTTTTCTTCTTTGTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGGGCGTTTTAGTT
>HPV52_Alpha_397038_nt7096_L1_Tile_rc|1
TTACCTTTTAACCTTTTTCTTCTTTGTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGGGCGTTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt5751_L1_Tile_rc|1
ATGGGGTAATAAGGATGTCCACGGTAAGCAAGCGAGAGCTTCCAGCATGATAAAATATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5791_L1_Tile_rc|1
TGCAGACACCTTAGGGATGTCTGCTTTACCAGATTTAGAAATGGGGTAATAAGGATGTCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt5796_L1_Tile_rc|1
TGAAATGCAGACACCTTAGGGATGTCTGCTTTACCAGATTTAGAAATGGGGTAATAAGGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6136_L1_Tile_rc|1
CGCTGTAGTAGGTGTGGAACGACAGGCCGTACCCTTTGTCCAGTGTTACCTATAGCGGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt6161_L1_Tile_rc|1
TAAGTTCCAATGGGGGGCAGTCGCCCCTGTAGTAGGTGTGGAACGACAGGCCGTACCCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6176_L1_Tile_rc|1
CAATAGGTGAATTGATAAGTTCCAATGGGGGGCAGTCGCCCCTGTAGTAGGTGTGGAAC

>HPV53_Alpha_9627377_nt6251_L1_Tile_rc|1
GCACATCAGATTTAGATTCTTGCAAAGCTTTAAAGTTTAATGCACCAAAACCTGTGTCCA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6441_L1_Tile_rc|1
TCCCTGCCATTACTACCCTTAATATATAAGTCATTAGGTATTTCTCACCATAACGCCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6456_L1_Tile_rc|1
GAGCTAGGGGGCGGGTCCCTGCCATTACTACCCTTAATATATAAGTCATTAGGTATTTCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6461_L1_Tile_rc|1
ATACAGAGCTAGGGGGCGGGTCCCTGCCATTACTACCCTTAATATATAAGTCATTAGGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6466_L1_Tile_rc|1
AACATATACAGAGCTAGGGGGCGGGTCCCTGCCATTACTACCCTTAATATATAAGTCATT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6816_L1_Tile_rc|1
ACAGGAGGCGACAAACCTATATTCCAGTCTTCCAGTAAGGTAGAATTCATAGTATGTAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6821_L1_Tile_rc|1
TGGCAACAGGAGGCGACAAACCTATATTCCAGTCTTCCAGTAAGGTAGAATTCATAGTAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6831_L1_Tile_rc|1
TCTAAGCTAGTGGCAACAGGAGGCGACAAACCTATATTCCAGTCTTCCAGTAAGGTAGAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6946_L1_Tile_rc|1
GTTTTGCAAATTGACCTCCCAAATTTATATTTAGATAGTGGGTCCTGCTTTTCAGGAGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt6966_L1_Tile_rc|1
TCCAAATCAGCAGAAAACTGTTTTGCAAATTGACCTCCCAAATTTATATTTAGATAGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6991_L1_Tile_rc|1
AAACTTCCTGCCAAGAGGAACTGATCCAAATCAGCAGAAAACTGTTTTGCAAATTGAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6996_L1_Tile_rc|1
ATTAATAAATCTCCTGCCAAGAGGAACTGATCCAAATCAGCAGAAAACTGTTTTGCAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7081_L1_Tile_rc|1
CTTGAGGAGGGGGCTGAGGTAGATGTAGTAGAAGCAGAGCGTTTTTTAGAGGATACAGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7086_L1_Tile_rc|1
TTGCGCTTGAGGAGGGGGCTGAGGTAGATGTAGTAGAAGCAGAGCGTTTTTTAGAGGAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt5985_L1_Tile_rc|1
TAACATTTTCCCTATTGTCAGCTCCTGCACCAACATATTTAGGTGCATTTTCAGTATCAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt5995_L1_Tile_rc|1
TAGTCCATGCTAACATTTTCCCTATTGTCAGCTCCTGCACCAACATATTTAGGTGCATTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6085_L1_Tile_rc|1
GCCAATGTATTAGGTGTACATAGGTTGCCTTTAGCCCAGTGTTACCTATAGGTGGTGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6095_L1_Tile_rc|1
GTCACCAGCAGCCAATGTATTAGGTGTACATAGGTTGCCTTTAGCCCAGTGTTACCTAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6215_L1_Tile_rc|1
TACATCAAGGGGTACCTCACTTTTTGAGGTTTGTAGGGTTTTAAATCCATAGCCCCAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6220_L1_Tile_rc|1
GTAGCTACATCAAGGGGTACCTCACTTTTTGAGGTTTGTAGGGTTTTAAATCCATAGCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6225_L1_Tile_rc|1
TTGAGGTAGCTACATCAAGGGGTACCTCACTTTTTGAGGTTTGTAGGGTTTTAAATCCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6235_L1_Tile_rc|1
TATTTACAAATTGAGGTAGCTACATCAAGGGGTACCTCACTTTTTGAGGTTTGTAGGGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6240_L1_Tile_rc|1
CAGGATATTTACAAATTGAGGTAGCTACATCAAGGGGTACCTCACTTTTTGAGGTTTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6250_L1_Tile_rc|1
TTAAGGTAATCAGGATATTTACAAATTGAGGTAGCTACATCAAGGGGTACCTCACTTTTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6415_L1_Tile_rc|1
GCAGCATAAATAGAACTGTCAAGGTTACCTGAGGATTTCTTAATGTATAAGTCATTAGGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6585_L1_Tile_rc|1
TGGATGCTGTAGCACACAATGTTAGGTTAGTACTACGGGTGGTATCTACAACCTGTTAAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6605_L1_Tile_rc|1
ATTATTAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAATGTTAGGTTAGTACTACGGGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6610_L1_Tile_rc|1

TCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAATGTTAGGTTAGTACTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6615_L1_Tile_rc|1
TAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAATGTTAGGTTAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6620_L1_Tile_rc|1
CTCCCTAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAATGTTAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6625_L1_Tile_rc|1
ATATACTCCCTAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6635_L1_Tile_rc|1
CACATGTCTAATACTACTCCCTAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6725_L1_Tile_rc|1
AGTGGGATTCATTCCATGAATATAGGCCATAACATCTGCTGTAAGGGTTATGGTACATAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6730_L1_Tile_rc|1
AGAATAGTGGGATTCATTCCATGAATATAGGCCATAACATCTGCTGTAAGGGTTATGGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6735_L1_Tile_rc|1
CCTCTAGAATAGTGGGATTCATTCCATGAATATAGGCCATAACATCTGCTGTAAGGGTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6770_L1_Tile_rc|1
ACTTGTAGCTGGGGGGTTATACCAAAGTTCAGTCCTCTAGAATAGTGGGATTCATTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6805_L1_Tile_rc|1
TGTGACTGTACAAACCTATATGTGTCTCCAAACTACTTGTAGCTGGGGGGTTATACCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6915_L1_Tile_rc|1
CAAGGTCAGATGAAAATCGTTTCCTTAAGGTCAACAGTCCAAAAATTAAATTTACTGTAAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6920_L1_Tile_rc|1
CTGGTCAAGGTCAGATGAAAATCGTTTCCTTAAGGTCAACAGTCCAAAAATTAAATTTACT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6925_L1_Tile_rc|1
GGAAACTGGTCAAGGTCAGATGAAAATCGTTTCCTTAAGGTCAACAGTCCAAAAATTAAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6930_L1_Tile_rc|1
CCAAGGGAACTGGTCAAGGTCAGATGAAAATCGTTTCCTTAAGGTCAACAGTCCAAAAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6990_L1_Tile_rc|1
GCTTTACAGGCCGAAGGCGCGGACGTGCACGTAGGCCAGCCTGTAGTAAAAACTTGCGAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6995_L1_Tile_rc|1
TGCACGCTTTACAGGCCGAAGGCGCGGACGTGCACGTAGGCCAGCCTGTAGTAAAAACTT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6470_L1_Tile_rc|1
TAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCCTCTCCAACCGTTCCCGCCCTAT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6480_L1_Tile_rc|1
ACTGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCCTCTCCAACCGTT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6495_L1_Tile_rc|1
TATATGGCATTAGGAAGTGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6705_L1_Tile_rc|1
TATTCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAGCAGCACATATTGTCATG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6715_L1_Tile_rc|1
GTATTGTTTATATTCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAGCAGCACA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6720_L1_Tile_rc|1
CGCATGTATTGTTTATATTCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAGCA
>HPV56_Alpha_397053_nt5708_L1_Tile_rc|1
GTATTGTCCCTAGTCACAGAGTAATAGGGATGTCCTACGGCAAGCAATCGTGAAGTGCCT
>HPV56_Alpha_397053_nt5713_L1_Tile_rc|1
TTTTGGTATTGTCCTTAGTCACAGAGTAATAGGGATGTCCTACGGCAAGCAATCGTGAAC
>HPV56_Alpha_397053_nt5728_L1_Tile_rc|1
CTTTGGGAATGTTTGTGTTTGGTATTGTCCTTAGTCACAGAGTAATAGGGATGTCCTACGG
>HPV56_Alpha_397053_nt6033_L1_Tile_rc|1
ACCCATAGCGGGAGTACATCCAACAATACACAACGTGTGTTTGCTTGCCATCAACTGATAT
>HPV56_Alpha_397053_nt6058_L1_Tile_rc|1
ACACAGCACCTTTAGTCCAATGTTACCCATAGCGGGAGTACATCCAACAATACACAAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6068_L1_Tile_rc|1
GTGGACTTACACACAGCACCTTTAGTCCAATGTTACCCATAGCGGGAGTACATCCAACA

>HPV56_Alpha_397053_nt6073_L1_Tile_rc|1
CTTGTGTGGACTTACACACAGCACCTTTAGTCCAATGTTACCCATAGCGGGAGTACATC
>HPV56_Alpha_397053_nt6078_L1_Tile_rc|1
GGTAACTTGTGTGGACTTACACACAGCACCTTTAGTCCAATGTTACCCATAGCGGGAGT
>HPV56_Alpha_397053_nt6083_L1_Tile_rc|1
CCTGTGGTAACTTGTGTGGACTTACACACAGCACCTTTAGTCCAATGTTACCCATAGCG
>HPV56_Alpha_397053_nt6108_L1_Tile_rc|1
AATTAATGCAAGAGGCGGGCAGTCCCCTGTGGTAACTTGTGTGGACTTACACACAGCACC
>HPV56_Alpha_397053_nt6118_L1_Tile_rc|1
TAGGTGTATTAATTAATGCAAGAGGCGGGCAGTCCCCTGTGGTAACTTGTGTGGACTTAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6128_L1_Tile_rc|1
CCATCCTCTATAGGTGTATTAATTAATGCAAGAGGCGGGCAGTCCCCTGTGGTAACTTGT
>HPV56_Alpha_397053_nt6368_L1_Tile_rc|1
TTTAAATATAACTCTGCAGGTATTGTTTCCCCAACTTTACCAGCCCTATTAAAATAATGT
>HPV56_Alpha_397053_nt6383_L1_Tile_rc|1
CTACCATTGCTACCCCTTAAATATAACTCTGCAGGTATTGTTTCCCCAACTTTACCAGCC
>HPV56_Alpha_397053_nt6408_L1_Tile_rc|1
ATATACAGAACTCGGAGGGGGTTCTCTACCATTGCTACCCCTTAAATATAACTCTGCAGG
>HPV56_Alpha_397053_nt6413_L1_Tile_rc|1
GCAACATATACAGAACTCGGAGGGGGTTCTCTACCATTGCTACCCCTTAAATATAACTCT
>HPV56_Alpha_397053_nt6588_L1_Tile_rc|1
TAACTGTTCTGTAGCAGTACTAATAGTCATGTTAGTACTTCTAGTAGTATCTACTACAGT
>HPV56_Alpha_397053_nt6593_L1_Tile_rc|1
TTACTTAACTGTTCTGTAGCAGTACTAATAGTCATGTTAGTACTTCTAGTAGTATCTACT
>HPV56_Alpha_397053_nt6608_L1_Tile_rc|1
TTTCGTGCATCATATTTACTTAACTGTTCTGTAGCAGTACTAATAGTCATGTTAGTACTT
>HPV56_Alpha_397053_nt6613_L1_Tile_rc|1
TAATTTTTTCGTGCATCATATTTACTTAACTGTTCTGTAGCAGTACTAATAGTCATGTTAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6618_L1_Tile_rc|1
CTGATTAATTTTTTCGTGCATCATATTTACTTAACTGTTCTGTAGCAGTACTAATAGTCAT
>HPV56_Alpha_397053_nt6628_L1_Tile_rc|1
GTCTAAGGTACTGATTAATTTTTTCGTGCATCATATTTACTTAACTGTTCTGTAGCAGTAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6633_L1_Tile_rc|1
CACATGTCTAAGGTACTGATTAATTTTTTCGTGCATCATATTTACTTAACTGTTCTGTAGC
>HPV56_Alpha_397053_nt6773_L1_Tile_rc|1
AGGCTGGTGGCCACTGGCGGGGATAACCCAATATTCCAGTCCCTCCAGTAGGTTAGCATTC
>HPV56_Alpha_397053_nt6778_L1_Tile_rc|1
CTTCTAGGCTGGTGGCCACTGGCGGGGATAACCCAATATTCCAGTCCCTCCAGTAGGTTAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6803_L1_Tile_rc|1
GTGCTTCTAACATATCTATATTTATCTTCTAGGCTGGTGGCCACTGGCGGGGATAACCCA
>HPV56_Alpha_397053_nt6808_L1_Tile_rc|1
TAGCTGTGCTTCTAACATATCTATATTTATCTTCTAGGCTGGTGGCCACTGGCGGGGATA
>HPV56_Alpha_397053_nt6818_L1_Tile_rc|1
TGACATGTTATAGCTGTGCTTCTAACATATCTATATTTATCTTCTAGGCTGGTGGCCACT
>HPV56_Alpha_397053_nt6988_L1_Tile_rc|1
GCTTTTTAGAGGTAGCTACAGCAGGCTTTGACCTAGTGCCCAGTTGCATTAAAAATTTTC
>HPV56_Alpha_397053_nt6993_L1_Tile_rc|1
AGATCGCTTTTTAGAGGTAGCTACAGCAGGCTTTGACCTAGTGCCCAGTTGCATTAAAAA
>HPV56_Alpha_397053_nt6998_L1_Tile_rc|1
GGAGCAGATCGCTTTTTAGAGGTAGCTACAGCAGGCTTTGACCTAGTGCCCAGTTGCATT
>HPV56_Alpha_397053_nt7013_L1_Tile_rc|1
GTAGAGGTGGAGGTAGGAGCAGATCGCTTTTTAGAGGTAGCTACAGCAGGCTTTGACCTA
>HPV56_Alpha_397053_nt7023_L1_Tile_rc|1
TTTTGCTGGTGTAGAGGTGGAGGTAGGAGCAGATCGCTTTTTAGAGGTAGCTACAGCAGG
>HPV57_Alpha_60882_nt5879_L1_Tile_rc|1

GCACAGACACCTTATTATTGCCACTTTTTTTTATAGAATAATATGGATGGCCTACTGTGA
>HPV57_Alpha_60882_nt5884_L1_Tile_rc|1
CTTGGGCACAGACACCTTATTATTGCCACTTTTTTTTATAGAATAATATGGATGGCCTAC
>HPV57_Alpha_60882_nt5894_L1_Tile_rc|1
AGCCCCGATACCTTGGGCACAGACACCTTATTATTGCCACTTTTTTTTATAGAATAATATG
>HPV57_Alpha_60882_nt5989_L1_Tile_rc|1
CAGCAGACGCTGGGTGTCGGGATCATAGAGGTTGGCATCAGGCAGACCAAACCTATTAGG
>HPV57_Alpha_60882_nt6094_L1_Tile_rc|1
ATTGTGTGAATTTTCAGTATCATCCTGTTTGTATAATAAGGGTGGCCGGATATCCCTAC
>HPV57_Alpha_60882_nt6099_L1_Tile_rc|1
TCGGGATTGTGTGAATTTTCAGTATCATCCTGTTTGTATAATAAGGGTGGCCGGATATC
>HPV57_Alpha_60882_nt6349_L1_Tile_rc|1
CAAGGGGACATCTGATTTGTTGGACTGTAGAGCGGCAAAATCCAGCGCCCCGAACCCGGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6364_L1_Tile_rc|1
GTTAGTACAGATATCCAAGGGGACATCTGATTTGTTGGACTGTAGAGCGGCAAAATCCAG
>HPV57_Alpha_60882_nt6369_L1_Tile_rc|1
CATATGTTAGTACAGATATCCAAGGGGACATCTGATTTGTTGGACTGTAGAGCGGCAAAA
>HPV57_Alpha_60882_nt6389_L1_Tile_rc|1
TCAGATAGTCTGGATATTTACATATGTTAGTACAGATATCCAAGGGGACATCTGATTTGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6534_L1_Tile_rc|1
GTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTCATCCGGGAGGGCGTCACCCATCGACCCA
>HPV57_Alpha_60882_nt6539_L1_Tile_rc|1
CGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTCATCCGGGAGGGCGTCACCCATCG
>HPV57_Alpha_60882_nt6544_L1_Tile_rc|1
ACTACCGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTCATCCGGGAGGGCGTCACC
>HPV57_Alpha_60882_nt6549_L1_Tile_rc|1
ACATAACTACCGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTCATCCGGGAGGGCG
>HPV57_Alpha_60882_nt6554_L1_Tile_rc|1
TATAAACATAACTACCGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTCATCCGGGA
>HPV57_Alpha_60882_nt6559_L1_Tile_rc|1
GGAGGTATAAACATAACTACCGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTCATC
>HPV57_Alpha_60882_nt6564_L1_Tile_rc|1
GGAGTGGAGGTATAAACATAACTACCGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGC
>HPV57_Alpha_60882_nt6754_L1_Tile_rc|1
ATTGGAGGCTTTATAATTAGTTTCTGTGTTACAGTGGCACACAAAGAGACATTTGTGCT
>HPV57_Alpha_60882_nt6759_L1_Tile_rc|1
TTATAATTGGAGGCTTTATAATTAGTTTCTGTGTTACAGTGGCACACAAAGAGACATTT
>HPV57_Alpha_60882_nt6944_L1_Tile_rc|1
ATTGCAAATACCTGTAGGTGTCCTGCAGGCTGGCGGACGGGGGTGGGGGGACACCAAAGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6984_L1_Tile_rc|1
GTCTTAGGGGGTGTGGGCTTCTGACATGTTATCGCTTGGGATTGCAAATACCTGTAGGTG
>HPV58_Alpha_222386_nt5766_L1_Tile_rc|1
ACTTTTTTATTGTTATTGGGACTTTTGATGGAAAAATATGGATTGCCAACAGCCAAAAGT
>HPV58_Alpha_222386_nt5776_L1_Tile_rc|1
GGGAACATAACTTTTTTATTGTTATTGGGACTTTTGATGGAAAAATATGGATTGCCAAC
>HPV58_Alpha_222386_nt5786_L1_Tile_rc|1
CTGATACCTTGGGAACATAACTTTTTTATTGTTATTGGGACTTTTGATGGAAAAATATG
>HPV58_Alpha_222386_nt5791_L1_Tile_rc|1
TAAGCCTGATACCTTGGGAACATAACTTTTTTATTGTTATTGGGACTTTTGATGGAAAA
>HPV58_Alpha_222386_nt5796_L1_Tile_rc|1
TACTGTAAGCCTGATACCTTGGGAACATAACTTTTTTATTGTTATTGGGACTTTTGATG
>HPV58_Alpha_222386_nt5801_L1_Tile_rc|1
CCCTATACTGTAAGCCTGATACCTTGGGAACATAACTTTTTTATTGTTATTGGGACTTT
>HPV58_Alpha_222386_nt5806_L1_Tile_rc|1
AAAGACCCTATACTGTAAGCCTGATACCTTGGGAACATAACTTTTTTATTGTTATTGGG

>HPV58_Alpha_222386_nt6166_L1_Tile_rc|1
AATAGAATTAAAAAGTTCCAATGGAGGACAATCAGTAGCAGCTGCATTATTGTTACAGGC
>HPV58_Alpha_222386_nt6431_L1_Tile_rc|1
TATTACCGGACCCCTTTAATATAAAGGTCATCCGGGACAGCCTCGCCAAGTTTTCCAGCCC
>HPV58_Alpha_222386_nt6436_L1_Tile_rc|1
TGCAGTATTACCGGACCCCTTTAATATAAAGGTCATCCGGGACAGCCTCGCCAAGTTTTCC
>HPV58_Alpha_222386_nt6441_L1_Tile_rc|1
ATAACTGCAGTATTACCGGACCCCTTTAATATAAAGGTCATCCGGGACAGCCTCGCCAAGT
>HPV58_Alpha_222386_nt6446_L1_Tile_rc|1
TTTGGATAACTGCAGTATTACCGGACCCCTTTAATATAAAGGTCATCCGGGACAGCCTCGC
>HPV58_Alpha_222386_nt6456_L1_Tile_rc|1
AATGCACTACTTTGGATAACTGCAGTATTACCGGACCCCTTTAATATAAAGGTCATCCGGG
>HPV58_Alpha_222386_nt6461_L1_Tile_rc|1
GAAAAAATGCACTACTTTGGATAACTGCAGTATTACCGGACCCCTTTAATATAAAGGTCAT
>HPV58_Alpha_222386_nt6466_L1_Tile_rc|1
AGTTGGAAAAAATGCACTACTTTGGATAACTGCAGTATTACCGGACCCCTTTAATATAAAG
>HPV58_Alpha_222386_nt7041_L1_Tile_rc|1
GTAGTAGGGGCCGAACGTTTTAGTCTGGGCTTTGCTTTAAGGCCTGATTGTAATAAAAC
>HPV58_Alpha_222386_nt7046_L1_Tile_rc|1
CACGGGTAGTAGGGGCCGAACGTTTTAGTCTGGGCTTTGCTTTAAGGCCTGATTGTAATA
>HPV58_Alpha_222386_nt7051_L1_Tile_rc|1
TGGTGCACGGGTAGTAGGGGCCGAACGTTTTAGTCTGGGCTTTGCTTTAAGGCCTGATTG
>HPV58_Alpha_222386_nt7056_L1_Tile_rc|1
GTGGATGGTGCACGGGTAGTAGGGGCCGAACGTTTTAGTCTGGGCTTTGCTTTAAGGCCT
>HPV59_Alpha_557236_nt5647_L1_Tile_rc|1
AAATACTGGTACGGGTGACATACTCATCAGTGCTGACAACCTTAGCTACCGAAGGTGGAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5652_L1_Tile_rc|1
GTAGAAAATACTGGTACGGGTGACATACTCATCAGTGCTGACAACCTTAGCTACCGAAGG
>HPV59_Alpha_557236_nt5662_L1_Tile_rc|2
TGCCTGCGTGGTAGAAAATACTGGTACGGGTGACATACTCATCAGTGCTGACAACCTTAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5677_L1_Tile_rc|1
TAAGAAGTCTGGAAGTGCCTGCGTGGTAGAAAATACTGGTACGGGTGACATACTCATCAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5682_L1_Tile_rc|2
AACTGTAAGAAGTCTGGAAGTGCCTGCGTGGTAGAAAATACTGGTACGGGTGACATACTC
>HPV59_Alpha_557236_nt5722_L1_Tile_rc|2
TACCATTACCACCTTTAGGTACTTTAAAATATGGATGTCCAACCTGTAAGAAGTCTGGAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt5727_L1_Tile_rc|1
CTGTCTACCATTACCACCTTTAGGTACTTTAAAATATGGATGTCCAACCTGTAAGAAGTCT
>HPV59_Alpha_557236_nt5842_L1_Tile_rc|2
CCAAGCGTTGAGAGTTAGGATCATATACTGTGTTATCTGGAAGGCCAAAATTTATTGGGAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5862_L1_Tile_rc|2
AACACCTACACAGGCCCAGACCAAGCGTTGAGAGTTAGGATCATATACTGTGTTATCTGG
>HPV59_Alpha_557236_nt5972_L1_Tile_rc|1
TCTTTGGTATCAACAGCAGATGCTACATGAGAGTTTTTCAGTGTCATCCAATTTATTATAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5977_L1_Tile_rc|1
GTGTATCTTTGGTATCAACAGCAGATGCTACATGAGAGTTTTTCAGTGTCATCCAATTTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5982_L1_Tile_rc|2
ATCACGTGTATCTTTGGTATCAACAGCAGATGCTACATGAGAGTTTTTCAGTGTCATCCAA
>HPV59_Alpha_557236_nt5987_L1_Tile_rc|1
ACATTATCACGTGTATCTTTGGTATCAACAGCAGATGCTACATGAGAGTTTTTCAGTGTC
>HPV59_Alpha_557236_nt6002_L1_Tile_rc|2
TTATAATCCACAGATACATTATCACGTGTATCTTTGGTATCAACAGCAGATGCTACATGA
>HPV59_Alpha_557236_nt6117_L1_Tile_rc|1
TAATTCTAGTGGAGGACAATCGCCCTGAACCACAGTAGTAGGCTTACAAGCAGTGCCCTT
>HPV59_Alpha_557236_nt6127_L1_Tile_rc|1

GTGTATTTATTAATTCTAGTGGAGGACAATCGCCCTGAACCACAGTAGTAGGCTTACAAG
>HPV59_Alpha_557236_nt6417_L1_Tile_rc|1
TAAATAACTGCCTGGGTGGGCACGTATGTCAGTACCTTTAATATATAGTGATTCAGGAAG
>HPV59_Alpha_557236_nt6422_L1_Tile_rc|2
GAATATAAATAACTGCCTGGGTGGGCACGTATGTCAGTACCTTTAATATATAGTGATTCA
>HPV59_Alpha_557236_nt6427_L1_Tile_rc|1
AAGGGGAATATAAATAACTGCCTGGGTGGGCACGTATGTCAGTACCTTTAATATATAGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt6432_L1_Tile_rc|1
TGGGGAAGGGGAATATAAATAACTGCCTGGGTGGGCACGTATGTCAGTACCTTTAATATA
>HPV59_Alpha_557236_nt6442_L1_Tile_rc|2
CAGACCCACTTGGGGAAGGGGAATATAAATAACTGCCTGGGTGGGCACGTATGTCAGTAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6602_L1_Tile_rc|2
ATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAAAGATTGGTGCTGCGAGTAGTATCTACAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6607_L1_Tile_rc|1
TAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAAAGATTGGTGCTGCGAGTAGTATCTA
>HPV59_Alpha_557236_nt6612_L1_Tile_rc|1
TACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAAAGATTGGTGCTGCGAGTAGT
>HPV59_Alpha_557236_nt6617_L1_Tile_rc|1
GTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAAAGATTGGTGCTGCGA
>HPV59_Alpha_557236_nt6627_L1_Tile_rc|1
ACTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAAAGATT
>HPV59_Alpha_557236_nt6632_L1_Tile_rc|1
TTAAAACCTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACACAGAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6637_L1_Tile_rc|1
ATTCTTTAAAACCTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGCACACA
>HPV59_Alpha_557236_nt6642_L1_Tile_rc|2
GGCATATTCTTTAAAACCTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAGTAGTAGAAGC
>HPV59_Alpha_557236_nt6652_L1_Tile_rc|1
CCACATGTCTGGCATATTCTTTAAAACCTGGTAGGTGTGTATACATTAGGAATAGAAGAAG
>HPV59_Alpha_557236_nt6737_L1_Tile_rc|1
GTATTCATATTATGAATGTATGACATTACCTCTGTAGTTAATGTTATTTTACACAGTTGA
>HPV59_Alpha_557236_nt6742_L1_Tile_rc|2
TAGTGGTATTTCATATTATGAATGTATGACATTACCTCTGTAGTTAATGTTATTTTACACA
>HPV59_Alpha_557236_nt6817_L1_Tile_rc|1
ATTGAACAAAACGGTATGTGTCAACTAACTAGCAGTAGGAGGTGGTGTAAACACCAAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt6822_L1_Tile_rc|2
AGCAGATTGAACAAAACGGTATGTGTCAACTAACTAGCAGTAGGAGGTGGTGTAAACACC
>HPV59_Alpha_557236_nt6827_L1_Tile_rc|1
ACAGCAGCAGATTGAACAAAACGGTATGTGTCAACTAACTAGCAGTAGGAGGTGGTGTAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6832_L1_Tile_rc|1
AAGTTACAGCAGCAGATTGAACAAAACGGTATGTGTCAACTAACTAGCAGTAGGAGGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt6842_L1_Tile_rc|2
TCCTTTTGACAAGTTACAGCAGCAGATTGAACAAAACGGTATGTGTCAACTAACTAGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt6862_L1_Tile_rc|2
GTTTAACTGGCGGTGCGGTGTCCTTTTGACAAGTTACAGCAGCAGATTGAACAAAACGGT
>HPV59_Alpha_557236_nt6867_L1_Tile_rc|1
GTCCTGTTTAACTGGCGGTGCGGTGTCCTTTTGACAAGTTACAGCAGCAGATTGAACAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt6882_L1_Tile_rc|2
TAGTTTGTGCATAAGGGTCCTGTTTAACTGGCGGTGCGGTGTCCTTTTGACAAGTTACAGC
>HPV59_Alpha_557236_nt6887_L1_Tile_rc|1
AACTTTAGTTTGTGCATAAGGGTCCTGTTTAACTGGCGGTGCGGTGTCCTTTTGACAAGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt6892_L1_Tile_rc|1
GCCAAAACCTTTAGTTTGTGCATAAGGGTCCTGTTTAACTGGCGGTGCGGTGTCCTTTTGAC
>HPV59_Alpha_557236_nt6907_L1_Tile_rc|1
CCTTAAGATCTACAGGCCAAAACCTTTAGTTTGTGCATAAGGGTCCTGTTTAACTGGCGGTG

>HPV59_Alpha_557236_nt6912_L1_Tile_rc|1
CCTTTCCTTAAGATCTACAGGCCAAAACCTTAGTTTGTGCATAAGGGTCCTGTTTAACTGG
>HPV59_Alpha_557236_nt7042_L1_Tile_rc|2
GTTTTGGTGATGGGGTAGAGGTAGGGGCAGGCGCTGCACGTTTGCCTGGGCCTATAGTGG
>HPV59_Alpha_557236_nt7057_L1_Tile_rc|1
TGCGACGCTTAACACGTTTTTGGTGATGGGGTAGAGGTAGGGGCAGGCGCTGCACGTTTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5401_L1_Tile_rc|1
ACACGAGCAACAGGCTTGCTTGGTGGAAGATACAATTGTCCAGCTGTCTGCAACCAAAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5411_L1_Tile_rc|1
CGTACTGAGTACACGAGCAACAGGCTTGCTTGGTGGAAGATACAATTGTCCAGCTGTCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5436_L1_Tile_rc|1
AATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTACTGAGTACACGAGCAACAGGCTTGCTTGGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5441_L1_Tile_rc|1
AACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTACTGAGTACACGAGCAACAGGCTTGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5446_L1_Tile_rc|1
TGAAAAACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTACTGAGTACACGAGCAACAGGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5451_L1_Tile_rc|1
CTGTATGAAAACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTACTGAGTACACGAGCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5456_L1_Tile_rc|1
AGTTCCTGTATGAAAACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTACTGAGTACACG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5461_L1_Tile_rc|1
CTGTACAGTTCCCTGTATGAAAACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTACTGAGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5466_L1_Tile_rc|1
GCATTCTGTACAGTTCCCTGTATGAAAACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5471_L1_Tile_rc|1
AATTAGCATTCTGTACAGTTCCCTGTATGAAAACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5476_L1_Tile_rc|1
CCTACAATTAGCATTCTGTACAGTTCCCTGTATGAAAACTAAATTTGTTGGCTGTACATAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5486_L1_Tile_rc|1
ATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATTCTGTACAGTTCCCTGTATGAAAACTAAATTTGTTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5491_L1_Tile_rc|1
TCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATTCTGTACAGTTCCCTGTATGAAAACTAAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5496_L1_Tile_rc|1
TAATATCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATTCTGTACAGTTCCCTGTATGAAAACTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5501_L1_Tile_rc|1
GTCTATAATATCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATTCTGTACAGTTCCCTGTATGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5506_L1_Tile_rc|1
CCACTGTCTATAATATCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATTCTGTACAGTTCCCTGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5511_L1_Tile_rc|1
TTGAACCACTGTCTATAATATCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATTCTGTACAGTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5516_L1_Tile_rc|1
ATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATTCTGTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5521_L1_Tile_rc|1
GTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTAGCATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5526_L1_Tile_rc|1
GTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAAATAAGGGTGTCTTACAATTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5531_L1_Tile_rc|1
TTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAAATAAGGGTGTCTTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5536_L1_Tile_rc|1
CTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAAATAAGGGTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5541_L1_Tile_rc|1
TTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAAATAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5546_L1_Tile_rc|1
CTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5551_L1_Tile_rc|1

CTAAACTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5556_L1_Tile_rc|1
TAACTCTAAACTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5561_L1_Tile_rc|1
TCGCATAACTCTAAACTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5566_L1_Tile_rc|1
AGTAGTCGCATAACTCTAAACTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5571_L1_Tile_rc|1
GAAATAGTAGTCGCATAACTCTAAACTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5601_L1_Tile_rc|1
TGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGGATCTGGAAATAGTAGTCGCATAACTCTAAACTGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5606_L1_Tile_rc|1
AGCTCTGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGGATCTGGAAATAGTAGTCGCATAACTCTAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5611_L1_Tile_rc|1
AAGACAGCTCTGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGGATCTGGAAATAGTAGTCGCATAACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5616_L1_Tile_rc|1
GGTTAAAGACAGCTCTGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGGATCTGGAAATAGTAGTCGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5626_L1_Tile_rc|1
TCTCTTTCTGGGTTAAAGACAGCTCTGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGGATCTGGAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5631_L1_Tile_rc|1
ATCTCTCTCTTTCTGGGTTAAAGACAGCTCTGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGGATCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5636_L1_Tile_rc|1
GACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTTAAAGACAGCTCTGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5641_L1_Tile_rc|1
CTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTTAAAGACAGCTCTGTCTATCATTTGCAAATTTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5646_L1_Tile_rc|1
CCAATCTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTTAAAGACAGCTCTGTCTATCATTTGCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5651_L1_Tile_rc|1
GCCTTCCAATCTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTTAAAGACAGCTCTGTCTATCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5661_L1_Tile_rc|1
CAATTTCAAGGCCTTCCAATCTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTTAAAGACAGCTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5666_L1_Tile_rc|1
TCTACCAATTTCAAGGCCTTCCAATCTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTTAAAGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5671_L1_Tile_rc|1
CCACCTCTACCAATTTCAAGGCCTTCCAATCTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5676_L1_Tile_rc|1
AAGGCCCACCTCTACCAATTTCAAGGCCTTCCAATCTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5761_L1_Tile_rc|1
TTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTCTGTATCTCCATATTTATTAAATAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5766_L1_Tile_rc|1
CACCATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTCTGTATCTCCATATTTATTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5771_L1_Tile_rc|1
GTCATCACCATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTCTGTATCTCCATATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5776_L1_Tile_rc|1
CTATTGTCATCACCATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTCTGTATCTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5781_L1_Tile_rc|1
CCATTCTATTGTCATCACCATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTCTGTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5786_L1_Tile_rc|1
AACATCCATTCTATTGTCATCACCATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5796_L1_Tile_rc|1
GATCCATTGAAACATCCATTCTATTGTCATCACCATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5806_L1_Tile_rc|1
ATTTGTTTTGGATCCATTGAAACATCCATTCTATTGTCATCACCATTATTCTGCTTTAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5811_L1_Tile_rc|1
ATTGCATTTGTTTTGGATCCATTGAAACATCCATTCTATTGTCATCACCATTATTCTGCT

>HPV60_Gamma_9628566_nt5816_L1_Tile_rc|1
AAACAATTGCATTTGTTTTGGATCCATTGAAACATCCATTCTATTGTCATCACCATTATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5831_L1_Tile_rc|1
TTTACATCCTACAATAAACAATTGCATTTGTTTTGGATCCATTGAAACATCCATTCTATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5836_L1_Tile_rc|1
GCTGGTTTACATCCTACAATAAACAATTGCATTTGTTTTGGATCCATTGAAACATCCATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5841_L1_Tile_rc|1
CAGTGGCTGGTTTACATCCTACAATAAACAATTGCATTTGTTTTGGATCCATTGAAACAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5866_L1_Tile_rc|1
GGTTTAGCAATATCCCAGTGTTCACCAGTGGCTGGTTTACATCCTACAATAAACAATTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5881_L1_Tile_rc|1
GGAGCAGGATCACAAAGTTTAGCAATATCCCAGTGTTCACCAGTGGCTGGTTTACATCCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5886_L1_Tile_rc|1
TTGCTGGAGCAGGATCACAAAGTTTAGCAATATCCCAGTGTTCACCAGTGGCTGGTTTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5906_L1_Tile_rc|1
AATTGGGGGACAGGATCCTTTTGCTGGAGCAGGATCACAAAGTTTAGCAATATCCCAGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5911_L1_Tile_rc|1
AATTTAATTGGGGGACAGGATCCTTTTGCTGGAGCAGGATCACAAAGTTTAGCAATATCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5921_L1_Tile_rc|1
AGACTGTGTTAATTTAATTGGGGGACAGGATCCTTTTGCTGGAGCAGGATCACAAAGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5926_L1_Tile_rc|1
ATTATAGACTGTGTTAATTTAATTGGGGGACAGGATCCTTTTGCTGGAGCAGGATCACAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5941_L1_Tile_rc|1
ATTTACCGTCCTGAATTATAGACTGTGTTAATTTAATTGGGGGACAGGATCCTTTTGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5946_L1_Tile_rc|1
CGCACATTTACCGTCCTGAATTATAGACTGTGTTAATTTAATTGGGGGACAGGATCCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5961_L1_Tile_rc|1
TTCCAAAGCCTGTATCGCACATTTACCGTCCTGAATTATAGACTGTGTTAATTTAATTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5966_L1_Tile_rc|1
TGCATTTCCAAAGCCTGTATCGCACATTTACCGTCCTGAATTATAGACTGTGTTAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5976_L1_Tile_rc|1
TAATAAAATTTGCATTTCCAAAGCCTGTATCGCACATTTACCGTCCTGAATTATAGACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5991_L1_Tile_rc|1
TATCTTCTTGCAAGGTAATAAAATTTGCATTTCCAAAGCCTGTATCGCACATTTACCGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5996_L1_Tile_rc|1
TGATTTATCTTCTTGCAAGGTAATAAAATTTGCATTTCCAAAGCCTGTATCGCACATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6011_L1_Tile_rc|1
ATCTAGAGGAACACCTGATTTATCTTCTTGCAAGGTAATAAAATTTGCATTTCCAAAGCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6016_L1_Tile_rc|1
GTAATATCTAGAGGAACACCTGATTTATCTTCTTGCAAGGTAATAAAATTTGCATTTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6021_L1_Tile_rc|1
CATTGGTAATATCTAGAGGAACACCTGATTTATCTTCTTGCAAGGTAATAAAATTTGCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6026_L1_Tile_rc|1
AATTTTCATTGGTAATATCTAGAGGAACACCTGATTTATCTTCTTGCAAGGTAATAAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6031_L1_Tile_rc|1
TTACAAATTTTCATTGGTAATATCTAGAGGAACACCTGATTTATCTTCTTGCAAGGTAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6036_L1_Tile_rc|1
GATATTTACAAATTTTCATTGGTAATATCTAGAGGAACACCTGATTTATCTTCTTGCAAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6056_L1_Tile_rc|1
TGTCATTTTGTAGTAAATCAGGATATTTACAAATTTTCATTGGTAATATCTAGAGGAACACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6061_L1_Tile_rc|1
TCTTTTGTTCATTTTGTAGTAAATCAGGATATTTACAAATTTTCATTGGTAATATCTAGAGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6066_L1_Tile_rc|1
AGATATCTTTTGTTCATTTTGTAGTAAATCAGGATATTTACAAATTTTCATTGGTAATATCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6081_L1_Tile_rc|1

ATACTGCATCTCCATAGATATCTTTTGTCAATTTTGTAGTAAATCAGGATATTTACAAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6136_L1_Tile_rc|1
CCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGGAATAAATTTGTTCACGTTTACCAAAGAAAAATACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6146_L1_Tile_rc|1
TCCATCTATCCCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGGAATAAATTTGTTCACGTTTACCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6151_L1_Tile_rc|1
CTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGGAATAAATTTGTTCACGTTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6156_L1_Tile_rc|1
GCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGGAATAAATTTGTTCAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6166_L1_Tile_rc|1
CCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGGAATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6171_L1_Tile_rc|1
AATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6181_L1_Tile_rc|1
GGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTACAAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6186_L1_Tile_rc|1
TTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6191_L1_Tile_rc|1
ATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6196_L1_Tile_rc|1
GGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6201_L1_Tile_rc|1
TTTGAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6206_L1_Tile_rc|1
GTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6211_L1_Tile_rc|1
CCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6216_L1_Tile_rc|1
AACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6221_L1_Tile_rc|1
ACTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6226_L1_Tile_rc|1
AAGTAACCTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6231_L1_Tile_rc|1
TAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6241_L1_Tile_rc|1
CCACTTGGTGCTAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6246_L1_Tile_rc|1
CAGAACCCTTGGTGCTAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6251_L1_Tile_rc|1
AGCTACAGAACCCTTGGTGCTAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6256_L1_Tile_rc|1
CTAGAAGCTACAGAACCCTTGGTGCTAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTATTTTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6261_L1_Tile_rc|1
TATCACTAGAAGCTACAGAACCCTTGGTGCTAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6271_L1_Tile_rc|1
AAAAGTTGATTATCACTAGAAGCTACAGAACCCTTGGTGCTAGGGAAGTAACCTATAACCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6276_L1_Tile_rc|1
TATTAAAAAGTTGATTATCACTAGAAGCTACAGAACCCTTGGTGCTAGGGAAGTAACCTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6281_L1_Tile_rc|1
AGGTCTATTAAAAAGTTGATTATCACTAGAAGCTACAGAACCCTTGGTGCTAGGGAAGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6286_L1_Tile_rc|1
CAATAAGGTCTATTAAAAAGTTGATTATCACTAGAAGCTACAGAACCCTTGGTGCTAGGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6306_L1_Tile_rc|1
CACCTTGGGCTCTGTGAAGCCAATAAGGTCTATTAAAAAGTTGATTATCACTAGAAGCTA

>HPV60_Gamma_9628566_nt6376_L1_Tile_rc|1
AAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATAGTAATGAATAATTGGTTACCCCAACAAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6381_L1_Tile_rc|1
TAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATAGTAATGAATAATTGGTTACCCCAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6386_L1_Tile_rc|1
TGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATAGTAATGAATAATTGGTTACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6391_L1_Tile_rc|1
TAAACTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATAGTAATGAATAATTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6401_L1_Tile_rc|1
ATCTTGTTTTGTAACTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATAGTAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6406_L1_Tile_rc|1
GCAGCATCTTGTTGTAACTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6411_L1_Tile_rc|1
CAATAGCAGCATCTTGTTGTAACTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6416_L1_Tile_rc|1
GTTATCAATAGCAGCATCTTGTTGTAACTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6421_L1_Tile_rc|1
TATCTGTTATCAATAGCAGCATCTTGTTGTAACTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6426_L1_Tile_rc|1
ATTTATATCTGTTATCAATAGCAGCATCTTGTTGTAACTGAAATAGATAAATTAGTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6431_L1_Tile_rc|1
TTTATATTTATATCTGTTATCAATAGCAGCATCTTGTTGTAACTGAAATAGATAAATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6476_L1_Tile_rc|1
TTCATATTCTTCAGTATGGCGTAAATACTGTCTAAAATCTTCCTGTTTATATTTATATCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6481_L1_Tile_rc|1
TCTACTTCATATTCTTCAGTATGGCGTAAATACTGTCTAAAATCTTCCTGTTTATATTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6486_L1_Tile_rc|1
TTAACTCTACTTCATATTCTTCAGTATGGCGTAAATACTGTCTAAAATCTTCCTGTTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6491_L1_Tile_rc|1
CAGAATTAACCTCTACTTCATATTCTTCAGTATGGCGTAAATACTGTCTAAAATCTTCCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6496_L1_Tile_rc|1
AGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCTTCAGTATGGCGTAAATACTGTCTAAAATCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6506_L1_Tile_rc|1
CACTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCTTCAGTATGGCGTAAATACTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6511_L1_Tile_rc|1
AAAGGCACCTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCTTCAGTATGGCGTAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6516_L1_Tile_rc|1
GATTCAAAGGCACCTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCTTCAGTATGGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6521_L1_Tile_rc|1
ATCTGGATTCAAAGGCACCTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCTTCAGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6526_L1_Tile_rc|1
AGAACATCTGGATTCAAAGGCACCTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6531_L1_Tile_rc|1
GAGCTAGAACATCTGGATTCAAAGGCACCTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6536_L1_Tile_rc|1
TAAATGAGCTAGAACATCTGGATTCAAAGGCACCTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6541_L1_Tile_rc|1
ACATTTAAATGAGCTAGAACATCTGGATTCAAAGGCACCTTTACAGAGTCTCAGAATTAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6631_L1_Tile_rc|1
GACATTATATCTGTAAGCATCTTCAATACCTTGTTGGTGGTGGAGGTACAAATGAAAGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6641_L1_Tile_rc|1
TGTTGCCTGAGACATTATATATCTGTAAGCATCTTCAATACCTTGTTGGTGGTGGAGGTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6666_L1_Tile_rc|1
TATTAGGAACATCTGTTGGACACATTGTTGCCTGAGACATTATATATCTGTAAGCATCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6671_L1_Tile_rc|1

TTCAGTATTAGGAACATCTGTTGGACACATTGTTGCCTGAGACATTATATATCTGTAAGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6676_L1_Tile_rc|1
TCCCTTTTCAGTATTAGGAACATCTGTTGGACACATTGTTGCCTGAGACATTATATATCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6691_L1_Tile_rc|1
TGTTTATAAGGGTCTTCCCTTTTCAGTATTAGGAACATCTGTTGGACACATTGTTGCCTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6696_L1_Tile_rc|1
TATACTGTTTATAAGGGTCTTCCCTTTTCAGTATTAGGAACATCTGTTGGACACATTGTTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6726_L1_Tile_rc|1
AACGTTCTTGCAAATCTATTGTCCAAAATGTATACTGTTTATAAGGGTCTTCCCTTTTCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6741_L1_Tile_rc|1
ATAATTTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTCCAAAATGTATACTGTTTATAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6746_L1_Tile_rc|1
CTGGGATAATTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTCCAAAATGTATACTGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6751_L1_Tile_rc|1
GAAAACCTGGGATAATTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTCCAAAATGTATAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6756_L1_Tile_rc|1
CAAGAGAAAACCTGGGATAATTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTCCAAAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6761_L1_Tile_rc|1
TTTTCCAAGAGAAAACCTGGGATAATTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6811_L1_Tile_rc|1
CTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAAGCCATACTGATATAAATATCTTTTTTCCAAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6816_L1_Tile_rc|1
AACTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAAGCCATACTGATATAAATATCTTTTTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6821_L1_Tile_rc|1
TACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAAGCCATACTGATATAAATATCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6826_L1_Tile_rc|1
TTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAAGCCATACTGATATAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6831_L1_Tile_rc|1
ATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAAGCCATACTGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6836_L1_Tile_rc|1
TTTTGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAAGCCATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6841_L1_Tile_rc|1
ACAGTTTTTTGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6846_L1_Tile_rc|1
GTTTCACAGTTTTTTGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6851_L1_Tile_rc|1
TTTACGTTTTCACAGTTTTTTGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6861_L1_Tile_rc|1
ATTTAGTTCTTTTACGTTTTCACAGTTTTTTGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6863_L1_Tile_rc|1
TTATTTAGTTCTTTTACGTTTTCACAGTTTTTTGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5880_L1_Tile_rc|1
CCTGCAGCCCATCAAGCTGCAAACCTACAATAGGGATGTCCTACAGTAAGCAGACGGGAAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5890_L1_Tile_rc|1
TTTTTCTTGCCCTGCAGCCCATCAAGCTGCAAACCTACAATAGGGATGTCCTACAGTAAGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5895_L1_Tile_rc|1
TAGTGTTTTCTTGCCCTGCAGCCCATCAAGCTGCAAACCTACAATAGGGATGTCCTACAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt5900_L1_Tile_rc|1
GGGGATAGTGTTTTCTTGCCCTGCAGCCCATCAAGCTGCAAACCTACAATAGGGATGTCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5910_L1_Tile_rc|1
CAGACACCTTGGGGATAGTGTTTTCTTGCCCTGCAGCCCATCAAGCTGCAAACCTACAAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6195_L1_Tile_rc|1
GTTTGCAACCTACAATAAGTAGCTGGGTCTGCTTATAATCAACAGACACATTGTACGAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt6285_L1_Tile_rc|1
TATTTGTAAATTCCAATGGAGGACAGTCAGTGGGCCGGGGCGCGGGGTTAGCACAAGCAG

>HPV61_Alpha_9628574_nt6550_L1_Tile_rc|1
TTCGCACCCCTTAAGATAATAAGAGTCAGGCAGTGCCTCACCCATGACACCCCTGGCGATTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6585_L1_Tile_rc|1
GGGAATAAATACTAACTACCAGGGGGCCGCTTGTTCATTCGCACCCCTTAAGATAATAAGAGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6780_L1_Tile_rc|1
TGGCTTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCAGTACAAATGGTTAAATTAGTACTGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt6785_L1_Tile_rc|1
GCTTGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCAGTACAAATGGTTAAATTAGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6790_L1_Tile_rc|1
CTAAAGCTTGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCAGTACAAATGGTTAAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6795_L1_Tile_rc|1
ATTCCTTAAAGCTTGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCAGTACAAATGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6800_L1_Tile_rc|1
CAAATATTCCCTAAAGCTTGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCAGTACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6805_L1_Tile_rc|1
TGGCGCAAATATTCCCTAAAGCTTGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6810_L1_Tile_rc|1
CTGTATGGCGCAAATATTCCCTAAAGCTTGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6820_L1_Tile_rc|1
TCAAACCTCCTGTATGGCGCAAATATTCCCTAAAGCTTGTGGCTTTATATTCAGATACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6985_L1_Tile_rc|1
ATAGCTCTGGACTGCAAAAACCTATATGTGTCTTCTAAACTGGTAGAGGGTGGTGGTACC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6163_L1_Tile_rc|1
CCACAGAGATATTGTCCCGACTGTCATCATTAGCAGCAGCCAACAAAGAGGTATTTTCTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6168_L1_Tile_rc|1
ATAATCCACAGAGATATTGTCCCGACTGTCATCATTAGCAGCAGCCAACAAAGAGGTATT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6238_L1_Tile_rc|1
ATAAGGTACCTTTGGTCCAGTGCTCTCCTATAGGGGGCTTACACCCCACAATTAACAACCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6243_L1_Tile_rc|1
GGGGCATAAGGTACCTTTGGTCCAGTGCTCTCCTATAGGGGGCTTACACCCCACAATTAA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6248_L1_Tile_rc|1
GCATTGGGGCATAAGGTACCTTTGGTCCAGTGCTCTCCTATAGGGGGCTTACACCCCACA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6253_L1_Tile_rc|1
GGGCAGCATTTGGGGCATAAGGTACCTTTGGTCCAGTGCTCTCCTATAGGGGGCTTACACC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6588_L1_Tile_rc|1
GTAACCTGCCCGCATTTGTCTGTCACTGCCTGGGGTACCTTTTCATATACAGGTCAGTGGG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6593_L1_Tile_rc|1
TAAATGTAACTGCCCAGCATTTGTCTGTCACTGCCTGGGGTACCTTTTCATATACAGGTCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6603_L1_Tile_rc|1
AGTGGGGGCATAAATGTAACTGCCCAGCATTTGTCTGTCACTGCCTGGGGTACCTTTTCAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7073_L1_Tile_rc|1
AGATCCACAGTCCAAAATGTCATTTGCGCATACGGGTCCACCTTGGGGGACGGGGAAGCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7230_L1_Tile_rc|1
TTACTTCCTGCGCTTTCGTTTAGCAGAGGTAGGGGACTGCTTAGTAGGTGCAGAACGCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt5372_L1_Tile_rc|1
CTTGGTGATCGGTTGGGTAGGAAGGTAAACTTATTCTGGGCAGGAAGCCAAACAGCCAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5377_L1_Tile_rc|1
AGAATCTTGGTGATCGGTTGGGTAGGAAGGTAAACTTATTCTGGGCAGGAAGCCAAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt5392_L1_Tile_rc|1
TAATCATCGCTGCTTAGAATCTTGGTGATCGGTTGGGTAGGAAGGTAAACTTATTCTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5397_L1_Tile_rc|1
ACACATAATCATCGCTGCTTAGAATCTTGGTGATCGGTTGGGTAGGAAGGTAAACTTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5407_L1_Tile_rc|1
TTGGTGCGAGACACATAATCATCGCTGCTTAGAATCTTGGTGATCGGTTGGGTAGGAAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5412_L1_Tile_rc|1

AGATGTTGGTGCGAGACACATAATCATCGCTGCTTAGAATCTTGGTGATCGGTTGGGTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5417_L1_Tile_rc|1
ATAGAAGATGTTGGTGCGAGACACATAATCATCGCTGCTTAGAATCTTGGTGATCGGTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt5422_L1_Tile_rc|2
GCGTGATAGAAGATGTTGGTGCGAGACACATAATCATCGCTGCTTAGAATCTTGGTGATC
>HPV63_Mu_9626605_nt5427_L1_Tile_rc|1
TGGTAGCGTGATAGAAGATGTTGGTGCGAGACACATAATCATCGCTGCTTAGAATCTTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5442_L1_Tile_rc|2
TGAGCAGTCGATCACTGGTAGCGTGATAGAAGATGTTGGTGCGAGACACATAATCATCGC
>HPV63_Mu_9626605_nt5447_L1_Tile_rc|1
CACAATGAGCAGTCGATCACTGGTAGCGTGATAGAAGATGTTGGTGCGAGACACATAATC
>HPV63_Mu_9626605_nt5462_L1_Tile_rc|2
ATAGAGCGGGTGTCACCAATGAGCAGTCGATCACTGGTAGCGTGATAGAAGATGTTGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5467_L1_Tile_rc|1
ACCTCATAGAGCGGGTGTCACCAATGAGCAGTCGATCACTGGTAGCGTGATAGAAGATG
>HPV63_Mu_9626605_nt5472_L1_Tile_rc|1
GGGTAACTTCATAGAGCGGGTGTCACCAATGAGCAGTCGATCACTGGTAGCGTGATAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt5487_L1_Tile_rc|1
TGTTATCATTTGCACGGGTAACTTCATAGAGCGGGTGTCACCAATGAGCAGTCGATCAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5492_L1_Tile_rc|1
CATAGTGTTATCATTTGCACGGGTAACTTCATAGAGCGGGTGTCACCAATGAGCAGTCG
>HPV63_Mu_9626605_nt5497_L1_Tile_rc|1
ACAGTCATAGTGTTATCATTTGCACGGGTAACTTCATAGAGCGGGTGTCACCAATGAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt5512_L1_Tile_rc|1
GGAGAACTTTAGGCACAGTCATAGTGTTATCATTTGCACGGGTAACTTCATAGAGCGGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5517_L1_Tile_rc|1
GATTTGGAGAACTTTAGGCACAGTCATAGTGTTATCATTTGCACGGGTAACTTCATAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt5522_L1_Tile_rc|2
ATACTGATTTGGAGAACTTTAGGCACAGTCATAGTGTTATCATTTGCACGGGTAACTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt5532_L1_Tile_rc|1
GAAAGACTCTATACTGATTTGGAGAACTTTAGGCACAGTCATAGTGTTATCATTTGCAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5537_L1_Tile_rc|1
AACACGAAAGACTCTATACTGATTTGGAGAACTTTAGGCACAGTCATAGTGTTATCATTT
>HPV63_Mu_9626605_nt5542_L1_Tile_rc|2
AATCTAACACGAAAGACTCTATACTGATTTGGAGAACTTTAGGCACAGTCATAGTGTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt5547_L1_Tile_rc|1
CTGGAAATCTAACACGAAAGACTCTATACTGATTTGGAGAACTTTAGGCACAGTCATAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5577_L1_Tile_rc|1
CCTTATCTCCAAAGGCAAATCGGTTAGGATCTGGAAATCTAACACGAAAGACTCTATACT
>HPV63_Mu_9626605_nt5582_L1_Tile_rc|2
AATATCCTTATCTCCAAAGGCAAATCGGTTAGGATCTGGAAATCTAACACGAAAGACTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt5622_L1_Tile_rc|2
CTCTAAGACCCCAAAGTAGTCTCTCAGTTTCTGGGTCAAAAATATCCTTATCTCCAAAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5627_L1_Tile_rc|1
TATGCCTCTAAGACCCCAAAGTAGTCTCTCAGTTTCTGGGTCAAAAATATCCTTATCTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt5632_L1_Tile_rc|1
ATTTCTATGCCTCTAAGACCCCAAAGTAGTCTCTCAGTTTCTGGGTCAAAAATATCCTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt5637_L1_Tile_rc|1
TACCGATTCTATGCCTCTAAGACCCCAAAGTAGTCTCTCAGTTTCTGGGTCAAAAATAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5712_L1_Tile_rc|1
TGCTAGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTTAATAATGGATTGCCTGAAATACCCACAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5722_L1_Tile_rc|2
TTATTATATCTGCTAGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTTAATAATGGATTGCCTGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5727_L1_Tile_rc|1
GTGTATTATTATATCTGCTAGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTTAATAATGGATTGC

>HPV63_Mu_9626605_nt5732_L1_Tile_rc|1
TGCATGTGTATTATTATATCTGCTAGGATTTTCAGCATCATCAAACCTATTTAATAATGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5742_L1_Tile_rc|2
TATCACCAGTTGCATGTGTATTATTATATCTGCTAGGATTTTCAGCATCATCAAACCTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5747_L1_Tile_rc|1
CCTATTATCACCAGTTGCATGTGTATTATTATATCTGCTAGGATTTTCAGCATCATCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5757_L1_Tile_rc|1
CAACATTTTGCCTATTATCACCAGTTGCATGTGTATTATTATATCTGCTAGGATTTTCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5762_L1_Tile_rc|2
AAAAGCAACATTTTGCCTATTATCACCAGTTGCATGTGTATTATTATATCTGCTAGGATT
>HPV63_Mu_9626605_nt5792_L1_Tile_rc|1
AATTAGAAAACATTTGGGTTTGTTCATCAAAGCAACATTTTGCCTATTATCACCAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5852_L1_Tile_rc|1
CTGTGTTCTGCACAGCGTCGAGCTATTGACCAGTGTTCCCCAGTGGCTGGTGTACAGCC
>HPV63_Mu_9626605_nt5857_L1_Tile_rc|1
TGAAACTGTGTTCCCTGCACAGCGTCGAGCTATTGACCAGTGTTCCCCAGTGGCTGGTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5872_L1_Tile_rc|1
GGACAATCTCCAAGCTGAAACTGTGTTCCCTGCACAGCGTCGAGCTATTGACCAGTGTTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt5877_L1_Tile_rc|1
TAGGAGGACAATCTCCAAGCTGAAACTGTGTTCCCTGCACAGCGTCGAGCTATTGACCAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5967_L1_Tile_rc|1
CTTTGTTTGCCTTGCAAAGAACCAGTCCATAGCACCTAGACCTATGTCAAACATATCAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5972_L1_Tile_rc|1
ATCTGCTTTGTTTGCCTTGCAAAGAACCAGTCCATAGCACCTAGACCTATGTCAAACAT
>HPV63_Mu_9626605_nt5977_L1_Tile_rc|1
GGAGCATCTGCTTTGTTTGCCTTGCAAAGAACCAGTCCATAGCACCTAGACCTATGTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt5982_L1_Tile_rc|2
CCAAAGGAGCATCTGCTTTGTTTGCCTTGCAAAGAACCAGTCCATAGCACCTAGACCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt5992_L1_Tile_rc|1
CCTGCAATATCCAAAGGAGCATCTGCTTTGTTTGCCTTGCAAAGAACCAGTCCATAGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt5997_L1_Tile_rc|1
CAGTGCTTGCAATATCCAAAGGAGCATCTGCTTTGTTTGCCTTGCAAAGAACCAGTCCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6002_L1_Tile_rc|2
GCAGACAGTGCCTGCAATATCCAAAGGAGCATCTGCTTTGTTTGCCTTGCAAAGAACCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6072_L1_Tile_rc|1
CTCTGCGAGCAAAGAAAAACAGAGAATTACCATGTACTTCCTGTCCCATTTTAATATAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6077_L1_Tile_rc|1
TTGTTCTCTGCGAGCAAAGAAAAACAGAGAATTACCATGTACTTCCTGTCCCATTTTAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6082_L1_Tile_rc|2
TACATTTGTTCTCTGCGAGCAAAGAAAAACAGAGAATTACCATGTACTTCCTGTCCCATT
>HPV63_Mu_9626605_nt6087_L1_Tile_rc|1
TTAAATACATTTGTTCTCTGCGAGCAAAGAAAAACAGAGAATTACCATGTACTTCCTGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6112_L1_Tile_rc|1
ATTCCAGCATGTGTAAATACATGCCTTAAATACATTTGTTCTCTGCGAGCAAAGAAAAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6117_L1_Tile_rc|1
TAACAATTCCAGCATGTGTAAATACATGCCTTAAATACATTTGTTCTCTGCGAGCAAAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6122_L1_Tile_rc|2
TTCATAACAATTCCAGCATGTGTAAATACATGCCTTAAATACATTTGTTCTCTGCGAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6127_L1_Tile_rc|1
TCTTTTTCATAACAATTCCAGCATGTGTAAATACATGCCTTAAATACATTTGTTCTCTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6132_L1_Tile_rc|1
CTTTCTCTTTTTCATAACAATTCCAGCATGTGTAAATACATGCCTTAAATACATTTGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6137_L1_Tile_rc|1
AGGGACTTTCTCTTTTTCATAACAATTCCAGCATGTGTAAATACATGCCTTAAATACAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6142_L1_Tile_rc|2

CTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACAATTCCAGCATGTGTAAATACATGCCTTAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6147_L1_Tile_rc|1
ATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACAATTCCAGCATGTGTAAATACATGCC
>HPV63_Mu_9626605_nt6152_L1_Tile_rc|1
AATATATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACAATTCCAGCATGTGTAAATAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6157_L1_Tile_rc|1
GCAGCAATATATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACAATTCCAGCATGTGTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6167_L1_Tile_rc|1
CTCGGCTTTAGCAGCAATATATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACAATTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt6172_L1_Tile_rc|1
GGTTGCTCGGCTTTAGCAGCAATATATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTTTTCTACTAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt6182_L1_Tile_rc|2
AGTATTTTGGGGTTGCTCGGCTTTAGCAGCAATATATGCACTGGTAGGGACTTTCTCTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6187_L1_Tile_rc|1
GCAATAGTATTTTGGGGTTGCTCGGCTTTAGCAGCAATATATGCACTGGTAGGGACTTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6192_L1_Tile_rc|1
CTGTAGCAATAGTATTTTGGGGTTGCTCGGCTTTAGCAGCAATATATGCACTGGTAGGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6202_L1_Tile_rc|2
AAATAATTATCTGTAGCAATAGTATTTTGGGGTTGCTCGGCTTTAGCAGCAATATATGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6212_L1_Tile_rc|1
GGGAGCTACAAAATAATTATCTGTAGCAATAGTATTTTGGGGTTGCTCGGCTTTAGCAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6217_L1_Tile_rc|1
CCACTGGGAGCTACAAAATAATTATCTGTAGCAATAGTATTTTGGGGTTGCTCGGCTTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6222_L1_Tile_rc|2
AAGATCCACTGGGAGCTACAAAATAATTATCTGTAGCAATAGTATTTTGGGGTTGCTCGG
>HPV63_Mu_9626605_nt6227_L1_Tile_rc|1
CACTAAAGATCCACTGGGAGCTACAAAATAATTATCTGTAGCAATAGTATTTTGGGGTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6237_L1_Tile_rc|1
CATCAGAGGACACTAAAGATCCACTGGGAGCTACAAAATAATTATCTGTAGCAATAGTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6242_L1_Tile_rc|2
TTGCACATCAGAGGACACTAAAGATCCACTGGGAGCTACAAAATAATTATCTGTAGCAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6247_L1_Tile_rc|1
AAAATTTGCACATCAGAGGACACTAAAGATCCACTGGGAGCTACAAAATAATTATCTGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6252_L1_Tile_rc|1
TATTAAAAATTTGCACATCAGAGGACACTAAAGATCCACTGGGAGCTACAAAATAATTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6257_L1_Tile_rc|1
GGGCCTATTAAAAATTTGCACATCAGAGGACACTAAAGATCCACTGGGAGCTACAAAATA
>HPV63_Mu_9626605_nt6282_L1_Tile_rc|2
GTCCTTGAGAACGTTGTAACCAATAGGGCTATTAAAAATTTGCACATCAGAGGACACTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6342_L1_Tile_rc|2
CTCTGGTATTATCAGCTACAGTTACAAATAACTCATTTCTCCAACAGATACCATTGTTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt6352_L1_Tile_rc|1
ATCGTGGTTCCTCTGGTATTATCAGCTACAGTTACAAATAACTCATTTCTCCAACAGATA
>HPV63_Mu_9626605_nt6362_L1_Tile_rc|2
ATTTATATTCATCGTGGTTCCTCTGGTATTATCAGCTACAGTTACAAATAACTCATTTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt6367_L1_Tile_rc|1
AGAACATTTATATTCATCGTGGTTCCTCTGGTATTATCAGCTACAGTTACAAATAACTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6372_L1_Tile_rc|1
TGTTAAGAACATTTATATTCATCGTGGTTCCTCTGGTATTATCAGCTACAGTTACAAATA
>HPV63_Mu_9626605_nt6377_L1_Tile_rc|1
TGCTTTGTTAAGAACATTTATATTCATCGTGGTTCCTCTGGTATTATCAGCTACAGTTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6387_L1_Tile_rc|1
TCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTATATTCATCGTGGTTCCTCTGGTATTATCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6392_L1_Tile_rc|1
ATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTATATTCATCGTGGTTCCTCTGGTATT

>HPV63_Mu_9626605_nt6402_L1_Tile_rc|2
CTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTATATTCATCGTGGTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6407_L1_Tile_rc|1
ATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTATATTCATCGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6412_L1_Tile_rc|1
TCATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAACATTTATATTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6422_L1_Tile_rc|2
GCGAGTATACTCATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTAAGAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6427_L1_Tile_rc|1
ACATGGCGAGTATACTCATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGTTGCTTTGTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6437_L1_Tile_rc|1
ATATTCCTCCACATGGCGAGTATACTCATTATAATCTGCGCTATCATAAGTCTCAGGGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6447_L1_Tile_rc|1
AGGATAACTCATATTCCTCCACATGGCGAGTATACTCATTATAATCTGCGCTATCATAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6452_L1_Tile_rc|1
TATAAAGGATAACTCATATTCCTCCACATGGCGAGTATACTCATTATAATCTGCGCTATC
>HPV63_Mu_9626605_nt6457_L1_Tile_rc|1
TGAAGTATAAAGGATAACTCATATTCCTCCACATGGCGAGTATACTCATTATAATCTGCG
>HPV63_Mu_9626605_nt6462_L1_Tile_rc|2
AAAGCTGAACTATAAAGGATAACTCATATTCCTCCACATGGCGAGTATACTCATTATAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6492_L1_Tile_rc|1
CTAAATTTTCAGGTGTTAGTTTTACCTTACAAAGCTGAACTATAAAGGATAACTCATATT
>HPV63_Mu_9626605_nt6497_L1_Tile_rc|1
AAATGCTAAATTTTCAGGTGTTAGTTTTACCTTACAAAGCTGAACTATAAAGGATAACTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6502_L1_Tile_rc|2
TGCAAAAATGCTAAATTTTCAGGTGTTAGTTTTACCTTACAAAGCTGAACTATAAAGGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6537_L1_Tile_rc|1
ACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGGATCCATATTATGCAAAAATGCTAAATTTTCAGGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6542_L1_Tile_rc|2
TGTTAACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGGATCCATATTATGCAAAAATGCTAAATTTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6547_L1_Tile_rc|1
GAAACTGTAACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGGATCCATATTATGCAAAAATGCTAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6552_L1_Tile_rc|1
GTTGAGAACTGTAACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGGATCCATATTATGCAAAAATG
>HPV63_Mu_9626605_nt6562_L1_Tile_rc|2
TTTGCAGGAGGTTGAGAACTGTAACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGGATCCATATTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6572_L1_Tile_rc|1
CTCTATAGCATTTGCAGGAGGTTGAGAACTGTAACTGCCAGGAATCGATAATTGTTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt6582_L1_Tile_rc|2
TATACTTGTCCTCTATAGCATTTGCAGGAGGTTGAGAACTGTAACTGCCAGGAATCGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6587_L1_Tile_rc|1
AAATCTATACTTGTCTCTATAGCATTTGCAGGAGGTTGAGAACTGTAACTGCCAGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6592_L1_Tile_rc|1
TCAATAAATCTATACTTGTCTCTATAGCATTTGCAGGAGGTTGAGAACTGTAACTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6597_L1_Tile_rc|1
ATGATTCAATAAATCTATACTTGTCTCTATAGCATTTGCAGGAGGTTGAGAACTGTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6607_L1_Tile_rc|1
TTTGTTGCTAATGATTCAATAAATCTATACTTGTCTCTATAGCATTTGCAGGAGGTTGA
>HPV63_Mu_9626605_nt6612_L1_Tile_rc|1
GACATTTTGTGCTAATGATTCAATAAATCTATACTTGTCTCTATAGCATTTGCAGGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6617_L1_Tile_rc|1
ATCAGGACATTTTGTGCTAATGATTCAATAAATCTATACTTGTCTCTATAGCATTTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6622_L1_Tile_rc|2
ACGTTATCAGGACATTTTGTGCTAATGATTCAATAAATCTATACTTGTCTCTATAGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6632_L1_Tile_rc|1

GGGTGGGGGCACGTTATCAGGACATTTTGTGCTAATGATTCAATAAATCTATACTTGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt6637_L1_Tile_rc|1
GGAGTGGGTGGGGGCACGTTATCAGGACATTTTGTGCTAATGATTCAATAAATCTATAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6657_L1_Tile_rc|1
AATCTTTGTAAGGATCAGTAGGAGTGGGTGGGGGCACGTTATCAGGACATTTTGTGCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6662_L1_Tile_rc|2
ACGTAAATCTTTGTAAGGATCAGTAGGAGTGGGTGGGGGCACGTTATCAGGACATTTTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6672_L1_Tile_rc|1
CATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTAAGGATCAGTAGGAGTGGGTGGGGGCACGTTATCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6677_L1_Tile_rc|1
GTCTACATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTAAGGATCAGTAGGAGTGGGTGGGGGCACGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6682_L1_Tile_rc|2
CTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTAAGGATCAGTAGGAGTGGGTGGGGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6687_L1_Tile_rc|1
GCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTAAGGATCAGTAGGAGTGGGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6692_L1_Tile_rc|1
CATTCGCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTAAGGATCAGTAGGAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt6697_L1_Tile_rc|1
TCCGACATTCGCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTAAGGATCAGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6702_L1_Tile_rc|2
GCTGCTCCGACATTCGCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTAAGGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6707_L1_Tile_rc|1
ATCAAGCTGCTCCGACATTCGCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTAAATCTTTGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6712_L1_Tile_rc|1
AATTGATCAAGCTGCTCCGACATTCGCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTAAATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt6717_L1_Tile_rc|1
AAGGAAATTGATCAAGCTGCTCCGACATTCGCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAAACGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6722_L1_Tile_rc|2
GCCTAAAGGAAATTGATCAAGCTGCTCCGACATTCGCTCACTGAGGTCTACATCCCCAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6732_L1_Tile_rc|1
AAAATTTGCGGCCTAAAGGAAATTGATCAAGCTGCTCCGACATTCGCTCACTGAGGTCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6737_L1_Tile_rc|1
ATACAAAAATTGCGGCCTAAAGGAAATTGATCAAGCTGCTCCGACATTCGCTCACTGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6742_L1_Tile_rc|2
CTTTGATACAAAAATTTGCGGCCTAAAGGAAATTGATCAAGCTGCTCCGACATTCGCTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6782_L1_Tile_rc|2
GAAATTCACAGTTTTTTGGAACAGAACGCTGTGCAAGACCACTTTGATACAAAAATTTGCG
>HPV63_Mu_9626605_nt6787_L1_Tile_rc|1
TTTCTGAAATTCACAGTTTTTTGGAACAGAACGCTGTGCAAGACCACTTTGATACAAAAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6792_L1_Tile_rc|1
TACGTTTTCTGAAATTCACAGTTTTTTGGAACAGAACGCTGTGCAAGACCACTTTGATACA
>HPV63_Mu_9626605_nt6797_L1_Tile_rc|1
GGATCTACGTTTTCTGAAATTCACAGTTTTTTGGAACAGAACGCTGTGCAAGACCACTTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6802_L1_Tile_rc|2
TTGGAGGATCTACGTTTTCTGAAATTCACAGTTTTTTGGAACAGAACGCTGTGCAAGACCA
>HPV63_Mu_9626605_nt6807_L1_Tile_rc|1
TAGTATTGGAGGATCTACGTTTTCTGAAATTCACAGTTTTTTGGAACAGAACGCTGTGCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt6832_L1_Tile_rc|1
GCCCCGTCGCCTCCGTTTGGCCACAGTAGTATTGGAGGATCTACGTTTTCTGAAATTCACA
>HPV63_Mu_9626605_nt6836_L1_Tile_rc|1
TCAGGCCCGTCGCCTCCGTTTGGCCACAGTAGTATTGGAGGATCTACGTTTTCTGAAATT
>HPV65_Gamma_312100_nt5552_L1_Tile_rc|1
AGAATCATAGAAACCATTATCAATCAATGCAAACCTATTAGGATCTGGTAAATAGAATCT
>HPV65_Gamma_312100_nt5567_L1_Tile_rc|1
AAGACGTTTCATGGTCAGAATCATAGAAACCATTATCAATCAATGCAAACCTATTAGGATC

>HPV65_Gamma_312100_nt5582_L1_Tile_rc|2
TCTGAGTCTCCAAACAAGACGTTTCATGGTCAGAATCATAGAAACCATTATCAATCAATGC
>HPV65_Gamma_312100_nt5587_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTGAGTCTCCAAACAAGACGTTTCATGGTCAGAATCATAGAAACCATTATCAATC
>HPV65_Gamma_312100_nt5592_L1_Tile_rc|1
TTTCTATTCTCTGAGTCTCCAAACAAGACGTTTCATGGTCAGAATCATAGAAACCATTAT
>HPV65_Gamma_312100_nt5597_L1_Tile_rc|1
ACCTATTTCTATTCCTCTGAGTCTCCAAACAAGACGTTTCATGGTCAGAATCATAGAAACC
>HPV65_Gamma_312100_nt5612_L1_Tile_rc|1
AAGGGGACCACCCCTACCTATTTCTATTCCTCTGAGTCTCCAAACAAGACGTTTCATGGTC
>HPV65_Gamma_312100_nt5617_L1_Tile_rc|1
ATCCCAAGGGGACCACCCCTACCTATTTCTATTCCTCTGAGTCTCCAAACAAGACGTTCA
>HPV65_Gamma_312100_nt5622_L1_Tile_rc|2
TTCCAATCCCAAGGGGACCACCCCTACCTATTTCTATTCCTCTGAGTCTCCAAACAAGAC
>HPV65_Gamma_312100_nt5637_L1_Tile_rc|1
AAGGATGGCCTGTTGTTCCAATCCCAAGGGGACCACCCCTACCTATTTCTATTCCTCTGA
>HPV65_Gamma_312100_nt5642_L1_Tile_rc|2
ATATAAAGGATGGCCTGTTGTTCCAATCCCAAGGGGACCACCCCTACCTATTTCTATTCC
>HPV65_Gamma_312100_nt5652_L1_Tile_rc|1
CAAACCTATTATATAAAGGATGGCCTGTTGTTCCAATCCCAAGGGGACCACCCCTACCTA
>HPV65_Gamma_312100_nt5832_L1_Tile_rc|1
TAGGAGGACAATCTCCTGGTTGAGGAACAGGACTTGCACAAGGCTCAGCCTTATCCCAAT
>HPV65_Gamma_312100_nt6037_L1_Tile_rc|1
TATAACTGTTCTCGCCTACCATAAAAAGAATAAGCTATCTCCATAGACATCTTTACTCATT
>HPV65_Gamma_312100_nt6052_L1_Tile_rc|1
AAAAAGTGCCTGGCATATAACTGTTCTCGCCTACCATAAAAAGAATAAGCTATCTCCATAG
>HPV65_Gamma_312100_nt6117_L1_Tile_rc|1
TCCAGTAATCAGTTTTTAACCTCGAAAGGTTCTGGTAGTGCATCTCCCATTGCTCCTGCTC
>HPV65_Gamma_312100_nt6122_L1_Tile_rc|2
AGGAATCCAGTAATCAGTTTTTAACCTCGAAAGGTTCTGGTAGTGCATCTCCCATTGCTCC
>HPV65_Gamma_312100_nt6127_L1_Tile_rc|1
TGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTTAACCTCGAAAGGTTCTGGTAGTGCATCTCCCATT
>HPV65_Gamma_312100_nt6132_L1_Tile_rc|1
CTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTTAACCTCGAAAGGTTCTGGTAGTGCATCTC
>HPV65_Gamma_312100_nt6137_L1_Tile_rc|1
CTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTTAACCTCGAAAGGTTCTGGTAGTGC
>HPV65_Gamma_312100_nt6142_L1_Tile_rc|2
TGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTTAACCTCGAAAGGTTCTGGT
>HPV65_Gamma_312100_nt6147_L1_Tile_rc|1
TATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTTAACCTCGAAAGGTT
>HPV65_Gamma_312100_nt6157_L1_Tile_rc|1
GGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTTTTAACC
>HPV65_Gamma_312100_nt6162_L1_Tile_rc|2
TATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATCAGTTT
>HPV65_Gamma_312100_nt6167_L1_Tile_rc|1
ATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGCAGGAATCCAGTAATC
>HPV65_Gamma_312100_nt6182_L1_Tile_rc|2
ACTAGGAGTGCCTATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCTTGAGC
>HPV65_Gamma_312100_nt6187_L1_Tile_rc|1
GATCCACTAGGAGTGCCTATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATCCTGACCTTCT
>HPV65_Gamma_312100_nt6197_L1_Tile_rc|1
TGAAACTAAAGATCCACTAGGAGTGCCTATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCTGATC
>HPV65_Gamma_312100_nt6202_L1_Tile_rc|2
TCACTTGAAACTAAAGATCCACTAGGAGTGCCTATATATATATGTGGACCTAAAGTATTCT
>HPV65_Gamma_312100_nt6207_L1_Tile_rc|1

GGGACTCACTTGAACTAAAGATCCACTAGGAGTGCCTATATATATATGTGGACCTAAAG
>HPV65_Gamma_312100_nt6337_L1_Tile_rc|1
GTTTTTACAGAAATAGTAAAATTAGTATTATGAGTATTGTCAACAAGTGCACAAATAAT
>HPV65_Gamma_312100_nt6392_L1_Tile_rc|1
TAAATACTGTTTAAATCACCTGCTTTATATTTATAGGATTCATCAGCTGCTTCTGTTTT
>HPV65_Gamma_312100_nt6612_L1_Tile_rc|1
CCTTTTCAGTACTGGGAGACTGAGTAGGACATCTCGTAGCTCTGGATTGTATAAATCTAT
>HPV65_Gamma_312100_nt6617_L1_Tile_rc|1
GTCTTCCTTTTCAGTACTGGGAGACTGAGTAGGACATCTCGTAGCTCTGGATTGTATAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6632_L1_Tile_rc|1
TAAATCTTTATAAGGGTCTTCCTTTTCAGTACTGGGAGACTGAGTAGGACATCTCGTAGC
>HPV65_Gamma_312100_nt6752_L1_Tile_rc|1
AGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCATTAATTAAACCACTTTGATATAAAAAAGCGTCTCCC
>HPV65_Gamma_312100_nt6757_L1_Tile_rc|1
TTAATAGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCATTAATTAAACCACTTTGATATAAAAAAGCGT
>HPV65_Gamma_312100_nt6762_L1_Tile_rc|2
GAGAATTAATAGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCATTAATTAAACCACTTTGATATAAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt6767_L1_Tile_rc|1
AGCTTGAGAATTAATAGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCATTAATTAAACCACTTTGATA
>HPV65_Gamma_312100_nt6772_L1_Tile_rc|1
GTTGGAGCTTGAGAATTAATAGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCATTAATTAAACCACTT
>HPV65_Gamma_312100_nt6777_L1_Tile_rc|1
TACTAGTTGGAGCTTGAGAATTAATAGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCATTAATTAAAC
>HPV65_Gamma_312100_nt6782_L1_Tile_rc|2
TTTAATACTAGTTGGAGCTTGAGAATTAATAGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCATTAAT
>HPV65_Gamma_312100_nt6787_L1_Tile_rc|1
GAACGTTTAATACTAGTTGGAGCTTGAGAATTAATAGTACGTTTTCTTTAAGTGTTCAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt5763_L1_Tile_rc|1
TTTTGGTACCAGATTTGGAAACAGAGTAATAAGGATGGCCAACAGCAACCTAGAGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt5778_L1_Tile_rc|1
CTTTAGGGATGTTTGTTTGGTACCAGATTTGGAAACAGAGTAATAAGGATGGCCAACAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6148_L1_Tile_rc|1
AGAGGTGGACAATCCCCTGTATTACCTGGTGTAGACTTACACACCGCGCCCTTAGTCCAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6153_L1_Tile_rc|1
ATGCAAGAGGTGGACAATCCCCTGTATTACCTGGTGTAGACTTACACACCGCGCCCTTAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6168_L1_Tile_rc|1
TCGGGGTATTAACCTAATGCAAGAGGTGGACAATCCCCTGTATTACCTGGTGTAGACTTAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6183_L1_Tile_rc|1
TGTCACCGTCTCTATCGGGGTATTAACCTAATGCAAGAGGTGGACAATCCCCTGTATTAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6418_L1_Tile_rc|1
TTCCAATACAAATCTGTAGGAATGGCTTCCCCAACATTACCTGCCCTATTAAAGTAATGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6428_L1_Tile_rc|1
ATTGCCACCCTTCCAATACAAATCTGTAGGAATGGCTTCCCCAACATTACCTGCCCTATT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6438_L1_Tile_rc|1
GGTCCCTGCCATTGCCACCCTTCCAATACAAATCTGTAGGAATGGCTTCCCCAACATTAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6443_L1_Tile_rc|1
AGGAGGGTCCCTGCCATTGCCACCCTTCCAATACAAATCTGTAGGAATGGCTTCCCCAAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6448_L1_Tile_rc|1
CTGGGAGGAGGTCCCTGCCATTGCCACCCTTCCAATACAAATCTGTAGGAATGGCTTCC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6453_L1_Tile_rc|1
CAGAACTGGGAGGAGGTCCCTGCCATTGCCACCCTTCCAATACAAATCTGTAGGAATGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6458_L1_Tile_rc|1
ATATACAGAAGTGGGAGGAGGTCCCTGCCATTGCCACCCTTCCAATACAAATCTGTAGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt6718_L1_Tile_rc|1
CAAAGTTGAAACACAACTGTAGTTCATATTCCTCCACATGGCGAAGGTATTGATTGATT

>HPV66_Alpha_1020290_nt6793_L1_Tile_rc|1
ATATTCCAATCGTCTAATAAAGTATTATTTCATATTATGCAAATATGCCATAACTTCTGCA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6798_L1_Tile_rc|1
AGCCAATATTCCAATCGTCTAATAAAGTATTATTTCATATTATGCAAATATGCCATAACTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6808_L1_Tile_rc|1
GGTGGGGATAAGCCAATATTCCAATCGTCTAATAAAGTATTATTTCATATTATGCAAATAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6813_L1_Tile_rc|1
CAACTGGTGGGGATAAGCCAATATTCCAATCGTCTAATAAAGTATTATTTCATATTATGCA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6823_L1_Tile_rc|1
AAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCAATATTCCAATCGTCTAATAAAGTATTATTC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6828_L1_Tile_rc|1
CCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCAATATTCCAATCGTCTAATAAAGTAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6833_L1_Tile_rc|1
TTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCAATATTCCAATCGTCTAATAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6838_L1_Tile_rc|1
CTATATTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCAATATTCCAATCGTCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6853_L1_Tile_rc|1
GTGCTTTTAATATACCTATATTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6863_L1_Tile_rc|1
TGTAATAGCTGTGCTTTTAAATATACCTATATTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7038_L1_Tile_rc|1
AGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCTAGGGCCTAGTTGCATTAAAAATTTTC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7043_L1_Tile_rc|1
TTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCTAGGGCCTAGTTGCATTAAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7063_L1_Tile_rc|1
GAGGTAGGAGCCGCCGCCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGGTCTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7078_L1_Tile_rc|1
GGTGAAGAAGAGGAAGAGGTAGGAGCCGCCGCCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7083_L1_Tile_rc|1
TAGCTGGTGAAGAAGAGGAAGAGGTAGGAGCCGCCGCCTTTTAGAGGCAGATACACTAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5725_L1_Tile_rc|1
GGAGGGATTAGGAATGGAAAAGTAAGGATGGCCTACAGCTAAAAGTCTGGAGCTACCAGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5735_L1_Tile_rc|1
TTTTAGTGTTGGAGGGATTAGGAATGGAAAAGTAAGGATGGCCTACAGCTAAAAGTCTGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5740_L1_Tile_rc|1
CACCTTTTTAGTGTTGGAGGGATTAGGAATGGAAAAGTAAGGATGGCCTACAGCTAAAAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5750_L1_Tile_rc|1
TGGGCACTAACACCTTTTTAGTGTTGGAGGGATTAGGAATGGAAAAGTAAGGATGGCCTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5760_L1_Tile_rc|1
CCTGACACCTTGGGCACTAACACCTTTTTAGTGTTGGAGGGATTAGGAATGGAAAAGTAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5765_L1_Tile_rc|1
GCAAACCTGACACCTTGGGCACTAACACCTTTTTAGTGTTGGAGGGATTAGGAATGGAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5970_L1_Tile_rc|1
CTAGGGTATTTATTATTTGTTTCAGTATCATCAAACCTATTAAAGTAATGGATGTCCACTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5975_L1_Tile_rc|1
GCTGGCTAGGGTATTTATTATTTGTTTCAGTATCATCAAACCTATTAAAGTAATGGATGTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5985_L1_Tile_rc|1
TCAGTACCAGGCTGGCTAGGGTATTTATTATTTGTTTCAGTATCATCAAACCTATTAAAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6005_L1_Tile_rc|1
TAGACAAGCATTCCTATTATCAGTACCAGGCTGGCTAGGGTATTTATTATTTGTTTCAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6020_L1_Tile_rc|1
TTTGCTTAGCATCCATAGACAAGCATTCCTATTATCAGTACCAGGCTGGCTAGGGTATT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6105_L1_Tile_rc|1
GGCCCATTAAGTTACCACTACACGGGGTACCTTTACCCAGTGTTACCTGTAGGAGGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6280_L1_Tile_rc|1

CTCGCTAGCCATACCAAGATAATCAGGATATTTACAAATACTGGTACATATATCTAACGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6320_L1_Tile_rc|1
GCTCACGTCGCAGGAAGAAAAATAAACTGTCCCCATAAGCCTCGCTAGCCATACCAAGAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6360_L1_Tile_rc|1
AATTTACCTGCTCTGTTAAACAAATGCCTAACAAACATTTGCTCACGTCGCAGGAAGAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6385_L1_Tile_rc|1
CAAATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTTACCTGCTCTGTTAAACAAATGCCTAACAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6395_L1_Tile_rc|1
CCTTAAAAATACAAATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTTACCTGCTCTGTTAAACAAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6400_L1_Tile_rc|1
AGATCCCTTAAAAATACAAATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTTACCTGCTCTGTTAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6405_L1_Tile_rc|1
TTTGCAGATCCCTTAAAAATACAAATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTTACCTGCTCTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6410_L1_Tile_rc|1
AAGTGTTCGAGATCCCTTAAAAATACAAATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTTACCTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6415_L1_Tile_rc|1
TGCAGAAGTGTTCGAGATCCCTTAAAAATACAAATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6430_L1_Tile_rc|1
AGCTGAGGTTCGAGTGCAGAAGTGTTCGAGATCCCTTAAAAATACAAATCTGTAGGTAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6435_L1_Tile_rc|1
AAAAAAGCTGAGGTTCGAGTGCAGAAGTGTTCGAGATCCCTTAAAAATACAAATCTGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6440_L1_Tile_rc|1
TAGGAAAAAAGCTGAGGTTCGAGTGCAGAAGTGTTCGAGATCCCTTAAAAATACAAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6450_L1_Tile_rc|1
CCACTGGGAGTAGGAAAAAAGCTGAGGTTCGAGTGCAGAAGTGTTCGAGATCCCTTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6620_L1_Tile_rc|1
ATGTAGCCTCTGATTTTTCTCAGAACATAAAGTCATGTTGGTACTACGTGTAGTGTCTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6625_L1_Tile_rc|1
TTTGTATGTAGCCTCTGATTTTTCTCAGAACATAAAGTCATGTTGGTACTACGTGTAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6630_L1_Tile_rc|1
TCATTTTTGTATGTAGCCTCTGATTTTTCTCAGAACATAAAGTCATGTTGGTACTACGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6735_L1_Tile_rc|1
GTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGATATTTTGCACAGCTGAAATATAAAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6750_L1_Tile_rc|1
ATATCTGGATTTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGATATTTTGCAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6755_L1_Tile_rc|1
CTAATATATCTGGATTTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGATATTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6760_L1_Tile_rc|1
GTCTCTAATATATCTGGATTTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6765_L1_Tile_rc|1
TGCCAGTCCTCTAATATATCTGGATTTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6770_L1_Tile_rc|1
CAAATTGCCAGTCCTCTAATATATCTGGATTTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6890_L1_Tile_rc|1
TGTACTTTTTAAGAGGATCTTCCTTTGCTGTTGGAGGGGATGTTTTTTGACAGGTAATAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6895_L1_Tile_rc|1
AAAAGTGTACTTTTTAAGAGGATCTTCCTTTGCTGTTGGAGGGGATGTTTTTTGACAGGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7015_L1_Tile_rc|1
AGAAGGTGAAGAACGTTTTAGTTTAGGTTAGCTGTAAACCTGCCTGCAATAAAAAATTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7020_L1_Tile_rc|1
GAAGAAGAAGGTGAAGAACGTTTTAGTTTAGGTTAGCTGTAAACCTGCCTGCAATAAAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5599_L1_Tile_rc|1
CCCCCAGACATAGGAACCTTAAAAATATGGATGGCCTACAGTTAATAACCTAGATGTACCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5979_L1_Tile_rc|1
CCCCTTGTTGTACATTGGTAGGCTTACAAGATTTACCTTTGGCCCAGTGCTCGCCAATAG

>HPV68a_Alpha_71726685_nt5999_L1_Tile_rc|1
CAATTCCAATGGGGGACAGTCCCCTTGTTGTACATTGGTAGGCTTACAAGATTTACCTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6004_L1_Tile_rc|1
TTTACCAATTCCAATGGGGGACAGTCCCCTTGTTGTACATTGGTAGGCTTACAAGATTTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6009_L1_Tile_rc|1
GAGTATTTACCAATTCCAATGGGGGACAGTCCCCTTGTTGTACATTGGTAGGCTTACAAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6114_L1_Tile_rc|1
AAACAGATTGACATATATCCAAAGGTACCTCGCTTTTCGTTTCTTGTAATGTACCAAAGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6254_L1_Tile_rc|1
CATGTCTAGTGGGAATAGTGTCCCCTACCATGCCTCCCCTATTCCAAAAATGCCTGGCAAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6259_L1_Tile_rc|1
ATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCCCTACCATGCCTCCCCTATTCCAAAAATGCCTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6264_L1_Tile_rc|1
CCTTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCCCTACCATGCCTCCCCTATTCCAAAAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6279_L1_Tile_rc|1
CACGAATGTCAGTGCCCTTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCCCTACCATGCCTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6289_L1_Tile_rc|1
CTAGGAGTTTCACGAATGTCAGTGCCTTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCCCT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6294_L1_Tile_rc|1
AACTACTAGGAGTTTCACGAATGTCAGTGCCTTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6299_L1_Tile_rc|1
CACATAACTACTAGGAGTTTCACGAATGTCAGTGCCTTAATATACATGTCAGTGGGAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6304_L1_Tile_rc|1
GCATACACATAACTACTAGGAGTTTCACGAATGTCAGTGCCTTAATATACATGTCAGTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6469_L1_Tile_rc|1
GTAGTGGACAATGTAAATTAGTACTGCGCGTTGTATCCACAACGGTAAGAAATAATTGA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6489_L1_Tile_rc|1
CTGGTACAGTAGAGTCTGTAGTAGTGACAATGTAAATTAGTACTGCGCGTTGTATCCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6504_L1_Tile_rc|1
TAGAATCATACACAGCTGGTACAGTAGAGTCTGTAGTAGTGACAATGTAAATTAGTAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6509_L1_Tile_rc|1
TTTATTAGAATCATACACAGCTGGTACAGTAGAGTCTGTAGTAGTGACAATGTAAATTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6514_L1_Tile_rc|1
TTAAATTTATTAGAATCATACACAGCTGGTACAGTAGAGTCTGTAGTAGTGACAATGTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6624_L1_Tile_rc|1
TAGCAGGATTCATAGTATGTATATATGACATTACATCAGTGGATAATGTTATAGTACACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6729_L1_Tile_rc|1
GGGCGTCCCTTTTGACATGTAATTGCTGCTGATTGTAGGTAGCGGTATGTATCTACAAGAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6819_L1_Tile_rc|1
GGAATTGGTCCAGTTCAGAACTAACTTTTCCTTTAAATCCACATTCCAAAAGTTAAGAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6824_L1_Tile_rc|1
TAATGGGAATTGGTCCAGTTCAGAACTAACTTTTCCTTTAAATCCACATTCCAAAAGTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6839_L1_Tile_rc|1
CAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTCCAGTTCAGAACTAACTTTTCCTTTAAATC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6844_L1_Tile_rc|1
TGTAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTCCAGTTCAGAACTAACTTTTCCTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6849_L1_Tile_rc|1
CTGCCTGTAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTCCAGTTCAGAACTAACTTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6859_L1_Tile_rc|1
CTGCGAACACCTGCCTGTAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTCCAGTTCAGAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6864_L1_Tile_rc|1
GCCGTCTGCGAACACCTGCCTGTAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTCCAGTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6869_L1_Tile_rc|1
GGTGGGCCGTCTGCGAACACCTGCCTGTAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6874_L1_Tile_rc|1

CCTATGGTGGGCCGTCTGCGAACACCTGCCTGTAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6924_L1_Tile_rc|1
TGTGTTTAGAGGTAGATGTGGTAGCTGCAGTGGCAGTGCCTTTACGAGGGCCTATGGTGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6929_L1_Tile_rc|1
ACGTTTGTGTTTAGAGGTAGATGTGGTAGCTGCAGTGGCAGTGCCTTTACGAGGGCCTAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5592_L1_Tile_rc|1
CCTGCATAGTAATATATCCGGTGCCTGTACATATTCATCCGTCTGACAACCCGGGACACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5602_L1_Tile_rc|2
TCGAGAGCTGCCTGCATAGTAATATATCCGGTGCCTGTACATATTCATCCGTCTGACAAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5607_L1_Tile_rc|1
AATAATCGAGAGCTGCCTGCATAGTAATATATCCGGTGCCTGTACATATTCATCCGTCTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5612_L1_Tile_rc|1
AAGTTAATAATCGAGAGCTGCCTGCATAGTAATATATCCGGTGCCTGTACATATTCATCC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5617_L1_Tile_rc|1
ACCCAAAGTTAATAATCGAGAGCTGCCTGCATAGTAATATATCCGGTGCCTGTACATATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5652_L1_Tile_rc|1
GTTGAACCAGATTTAGGAATTGGAAAATAGGGATGACCCAAAGTTAATAATCGAGAGCTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5657_L1_Tile_rc|1
CTGCTGTTGAACCAGATTTAGGAATTGGAAAATAGGGATGACCCAAAGTTAATAATCGAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5662_L1_Tile_rc|2
AATTTCTGCTGTTGAACCAGATTTAGGAATTGGAAAATAGGGATGACCCAAAGTTAATAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5682_L1_Tile_rc|2
TGGTAAGCAGACACTTTAGGAATTTCTGCTGTTGAACCAGATTTAGGAATTGGAAAATAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5687_L1_Tile_rc|1
TATATTGGTAAGCAGACACTTTAGGAATTTCTGCTGTTGAACCAGATTTAGGAATTGGAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5917_L1_Tile_rc|1
CACGTTGTCCCTATTATCAGTGTCTGCATTAGCAGTGGCAAGATGTGAATTTTCAGTGTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5927_L1_Tile_rc|1
TATCTACACACACGTTGTCCCTATTATCAGTGTCTGCATTAGCAGTGGCAAGATGTGAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5932_L1_Tile_rc|1
TTTATTATCTACACACACGTTGTCCCTATTATCAGTGTCTGCATTAGCAGTGGCAAGATG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6007_L1_Tile_rc|1
ATTTTTACATACAGTGCCAACGCCCCAGTGTTACCTAAAGGAGGGGTACATCCAATAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6012_L1_Tile_rc|1
TGTGCATTTTTACATACAGTGCCAACGCCCCAGTGTTACCTAAAGGAGGGGTACATCCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6017_L1_Tile_rc|1
GAGACTGTGCATTTTTACATACAGTGCCAACGCCCCAGTGTTACCTAAAGGAGGGGTAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6167_L1_Tile_rc|1
AAATAGATTGATTAATATCAAGTGGCACATCACATTTTGTAGCTTGCAAAGCTGTAAAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6172_L1_Tile_rc|1
TTTGCAAATAGATTGATTAATATCAAGTGGCACATCACATTTTGTAGCTTGCAAAGCTGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6317_L1_Tile_rc|1
CTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAATCACCTATAGTGCCAGCTTTATTAATAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6322_L1_Tile_rc|2
AGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAATCACCTATAGTGCCAGCTTTATTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6327_L1_Tile_rc|1
TGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAATCACCTATAGTGCCAGCTTTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6332_L1_Tile_rc|1
GACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAATCACCTATAGTGCCAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6337_L1_Tile_rc|1
TTCACGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAATCACCTATAGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6342_L1_Tile_rc|2
GGAGGTTACAGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACTGGTACAGAATCACCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6357_L1_Tile_rc|1
TATATAGAAGTAGTTGGAGGTTACAGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAGATACT

>HPV69_Alpha_6970418_nt6362_L1_Tile_rc|2
GTGAGTATATAGAAGTAGTTGGAGGTTACGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATACATAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6367_L1_Tile_rc|1
CGTACGTGAGTATATAGAAGTAGTTGGAGGTTACGACCTTGACCAGCGCCTTTAATATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6377_L1_Tile_rc|1
AGCCACTAGGCGTACGTGAGTATATAGAAGTAGTTGGAGGTTACGACCTTGACCAGCGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6387_L1_Tile_rc|1
GTCACCATGGAGCCACTAGGCGTACGTGAGTATATAGAAGTAGTTGGAGGTTACGACCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6402_L1_Tile_rc|2
AATTGAGCATCAGAGGTCACCATGGAGCCACTAGGCGTACGTGAGTATATAGAAGTAGTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6677_L1_Tile_rc|1
TAGAATTCATTGTATGGATATAGGCCATTACATCAGTGGTAAGAGTAATTTTACACAATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6682_L1_Tile_rc|2
AATAGTAGAATTCATTGTATGGATATAGGCCATTACATCAGTGGTAAGAGTAATTTTACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6717_L1_Tile_rc|1
GGAGGCAAGGTAAGGCCAAAATTCCAATTTTCCAAAATAGTAGAATTCATTGTATGGATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6927_L1_Tile_rc|1
AACTTAGGACGTCGCTGTATACCAGCCTGCAGCATAAAATTTTCTGCCCAGTGGAATTGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6932_L1_Tile_rc|1
TGCCTAACTTAGGACGTCGCTGTATACCAGCCTGCAGCATAAAATTTTCTGCCCAGTGGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6937_L1_Tile_rc|1
TTTGGTGCCTAACTTAGGACGTCGCTGTATACCAGCCTGCAGCATAAAATTTTCTGCCCAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6942_L1_Tile_rc|2
GGACGTTTGGTGCCTAACTTAGGACGTCGCTGTATACCAGCCTGCAGCATAAAATTTTCTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6947_L1_Tile_rc|1
AAGCTGGACGTTTGGTGCCTAACTTAGGACGTCGCTGTATACCAGCCTGCAGCATAAAATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6957_L1_Tile_rc|1
GATAAGGAAGAAGCTGGACGTTTGGTGCCTAACTTAGGACGTCGCTGTATACCAGCCTGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6962_L1_Tile_rc|2
ATGCAGATAAGGAAGAAGCTGGACGTTTGGTGCCTAACTTAGGACGTCGCTGTATACCAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6967_L1_Tile_rc|1
GGAAGATGCAGATAAGGAAGAAGCTGGACGTTTGGTGCCTAACTTAGGACGTCGCTGTAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6391_L1_Tile_rc|1
TGAGTACCAGGACGCTCACGTATATCCGTGCCTTTAATATATAACTCTGAAGGTATTGTG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6396_L1_Tile_rc|1
ATACATGAGTACCAGGACGCTCACGTATATCCGTGCCTTTAATATATAACTCTGAAGGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6406_L1_Tile_rc|1
GAAGGGGAATATACATGAGTACCAGGACGCTCACGTATATCCGTGCCTTTAATATATAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6586_L1_Tile_rc|1
GCAGGTATGGCCGTTTCGGTGCAGGCAGACAATGTAAAATTAGTACTACGTGTAGTGTCC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6591_L1_Tile_rc|1
ATACAGCAGGTATGGCCGTTTCGGTGCAGGCAGACAATGTAAAATTAGTACTACGTGTAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6596_L1_Tile_rc|1
GCTATATACAGCAGGTATGGCCGTTTCGGTGCAGGCAGACAATGTAAAATTAGTACTACG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6601_L1_Tile_rc|1
GTAGGGCTATATACAGCAGGTATGGCCGTTTCGGTGCAGGCAGACAATGTAAAATTAGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6606_L1_Tile_rc|1
ACTTTGTAGGGCTATATACAGCAGGTATGGCCGTTTCGGTGCAGGCAGACAATGTAAAAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6611_L1_Tile_rc|1
CTTAAACTTTGTAGGGCTATATACAGCAGGTATGGCCGTTTCGGTGCAGGCAGACAATGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6626_L1_Tile_rc|1
ATGCCTAGTATATTCTTAAACTTTGTAGGGCTATATACAGCAGGTATGGCCGTTTCGGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6711_L1_Tile_rc|1
TCATAGTATGGATGTAGGCCATAACGTCAGCAGTTAATGTGATAGTACACAATTGAAATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6746_L1_Tile_rc|1

AACTCCTATATTCCAATTGTCCAAAATTGCAGGATTCATAGTATGGATGTAGGCCATAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6791_L1_Tile_rc|1
TAAATACCTATACGTGTCCACCAAGCTTGCAGATGGTGGAGGGGTAACCTATATTCCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6796_L1_Tile_rc|1
GATTGTAAATACCTATACGTGTCCACCAAGCTTGCAGATGGTGGAGGGGTAACCTCTATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6801_L1_Tile_rc|1
CTGCTGATTGTAAATACCTATACGTGTCCACCAAGCTTGCAGATGGTGGAGGGGTAACCTC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6806_L1_Tile_rc|1
TATAGCTGCTGATTGTAAATACCTATACGTGTCCACCAAGCTTGCAGATGGTGGAGGGGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6811_L1_Tile_rc|1
CATGCTATAGCTGCTGATTGTAAATACCTATACGTGTCCACCAAGCTTGCAGATGGTGGA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6831_L1_Tile_rc|1
GTGTAGGAGCATCCTTTTGACATGCTATAGCTGCTGATTGTAAATACCTATACGTGTCCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6836_L1_Tile_rc|1
TTCAGGTGTAGGAGCATCCTTTTGACATGCTATAGCTGCTGATTGTAAATACCTATACGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7001_L1_Tile_rc|1
CGATTTAGCTGACGCAGGGCGTTTGCGAGGGCCTATAGTAGGACGTCTGCGAGCCCCTAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt7016_L1_Tile_rc|1
AGAGGCTGAGGAAGACGATTTAGCTGACGCAGGGCGTTTGCGAGGGCCTATAGTAGGACG
>HPV70_Alpha_1173493_nt7021_L1_Tile_rc|1
TGTTTAGAGGCTGAGGAAGACGATTTAGCTGACGCAGGGCGTTTGCGAGGGCCTATAGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7026_L1_Tile_rc|1
GTTTGTGTTTAGAGGCTGAGGAAGACGATTTAGCTGACGCAGGGCGTTTGCGAGGGCCTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7031_L1_Tile_rc|1
TTTCCGTTTGTGTTTAGAGGCTGAGGAAGACGATTTAGCTGACGCAGGGCGTTTGCGAGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5907_L1_Tile_rc|1
CAGTAAGTAATCTAGAACTACCAGCATAATAAAATAGTTTTGTTCTGGTAACATAGTCGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5952_L1_Tile_rc|1
GATTTTTTACCCTTGCCTGGCGAATAGGAAAATATGGATGGCCAACAGTAAGTAATCTAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5957_L1_Tile_rc|1
TATACGATTTTTTACCCTTGCCTGGCGAATAGGAAAATATGGATGGCCAACAGTAAGTAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5967_L1_Tile_rc|1
TGGGGACAACCTATACGATTTTTTACCCTTGCCTGGCGAATAGGAAAATATGGATGGCCAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5972_L1_Tile_rc|1
CACTTTGGGGACAACCTATACGATTTTTTACCCTTGCCTGGCGAATAGGAAAATATGGATG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6072_L1_Tile_rc|1
CTAAGCGCTGGGTATCGGGATTGTATAATGAAGCATCAGGTAGTCCAAATTTATTTGGGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6087_L1_Tile_rc|1
CCTTACAAGCCCACCTAAGCGCTGGGTATCGGGATTGTATAATGAAGCATCAGGTAGTC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6192_L1_Tile_rc|1
GATTAAACATCAAACAGCGTGGCATTTCAGTGTCATTAAGCTTGTTAAACAATGGATGGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6197_L1_Tile_rc|1
ACCAGGATTAACATCAAACAGCGTGGCATTTCAGTGTCATTAAGCTTGTTAAACAATGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6207_L1_Tile_rc|1
GAGTATCCTCACCAGGATTAACATCAAACAGCGTGGCATTTCAGTGTCATTAAGCTTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6222_L1_Tile_rc|2
TAGAAACATTATCCCGAGTATCCTCACCAGGATTAACATCAAACAGCGTGGCATTTCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6322_L1_Tile_rc|2
GCGGCAGCTGAAGCGCCACTGCATGGAGTACCTTTTGCCCAATGTTTCACCTAAGGGAGGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6347_L1_Tile_rc|1
AAGTTCAAGTGGGGGGCAACTACCAGCGGCAGCTGAAGCGCCACTGCATGGAGTACCTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6352_L1_Tile_rc|1
CTGGCAAGTTCAAGTGGGGGGCAACTACCAGCGGCAGCTGAAGCGCCACTGCATGGAGTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6442_L1_Tile_rc|2
AAGGGAACGTCAGACCTATTTGTTTGCAGGGCTGCAAAATCCATTGCCCCAAAACCTGTG

>HPV71_Alpha_12084981_nt6452_L1_Tile_rc|1
AACAAATATCCAAGGGAACGTCAGACCTATTTGTTTGCAGGGCTGCAAAATCCATTGCCCC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6467_L1_Tile_rc|1
TTTACATGTTGTAGTAACAATATCCAAGGGAACGTCAGACCTATTTGTTTGCAGGGCTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6517_L1_Tile_rc|1
AAAAACATGCGATCACCAATGGCTCTGCAGCCATTTCGAAATAATCTGATATTTACATGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6522_L1_Tile_rc|2
GCAAGAAAAACATGCGATCACCAATGGCTCTGCAGCCATTTCGAAATAATCTGATATTTAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6532_L1_Tile_rc|1
TGCTCTCGGCGCAAGAAAAACATGCGATCACCAATGGCTCTGCAGCCATTTCGAAATAATC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6547_L1_Tile_rc|1
AATGTCTTAAACATTGCTCTCGGCGCAAGAAAAACATGCGATCACCAATGGCTCTGCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6552_L1_Tile_rc|1
TATAAAATGTCTTAAACATTGCTCTCGGCGCAAGAAAAACATGCGATCACCAATGGCTC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6592_L1_Tile_rc|1
TAATAGTCATCAGGAACCCCTGCCTAGGTGTGCCTGCCTATTATAAAATGTCTTAAACAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6602_L1_Tile_rc|2
AACCTTTAAATAATAGTCATCAGGAACCCCTGCCTAGGTGTGCCTGCCTATTATAAAATGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6607_L1_Tile_rc|1
AGGTGAACCTTTAAATAATAGTCATCAGGAACCCCTGCCTAGGTGTGCCTGCCTATTATAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6617_L1_Tile_rc|1
GAAAGGTAGAAGGTGAACCTTTAAATAATAGTCATCAGGAACCCCTGCCTAGGTGTGCCTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6632_L1_Tile_rc|1
TTGTAGGGGAAGCACGAAAGGTAGAAGGTGAACCTTTAAATAATAGTCATCAGGAACCCCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6637_L1_Tile_rc|1
AGAGCTTGTAGGGGAAGCACGAAAGGTAGAAGGTGAACCTTTAAATAATAGTCATCAGGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6642_L1_Tile_rc|2
TAAAGAGAGCTTGTAGGGGAAGCACGAAAGGTAGAAGGTGAACCTTTAAATAATAGTCAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6647_L1_Tile_rc|1
ATGCATAAAGAGAGCTTGTAGGGGAAGCACGAAAGGTAGAAGGTGAACCTTTAAATAATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6657_L1_Tile_rc|1
CTAGGTGTGGATGCATAAAGAGAGCTTGTAGGGGAAGCACGAAAGGTAGAAGGTGAACCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6777_L1_Tile_rc|1
ATGTGTCACAACCTGTTACAAAAGCAGATTGCCCAACAAATGCCATTGTTTGTGCCCTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6782_L1_Tile_rc|2
ACGTGATGTGTCACAACCTGTTACAAAAGCAGATTGCCCAACAAATGCCATTGTTTGTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6787_L1_Tile_rc|1
GTACTACGTGATGTGTCACAACCTGTTACAAAAGCAGATTGCCCAACAAATGCCATTGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6792_L1_Tile_rc|1
TATTTGTACTACGTGATGTGTCACAACCTGTTACAAAAGCAGATTGCCCAACAAATGCCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6802_L1_Tile_rc|2
CAGATGGACATATTTGTACTACGTGATGTGTCACAACCTGTTACAAAAGCAGATTGCCCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6807_L1_Tile_rc|1
TAGCACAGATGGACATATTTGTACTACGTGATGTGTCACAACCTGTTACAAAAGCAGATT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6812_L1_Tile_rc|1
TTTGGTAGCACAGATGGACATATTTGTACTACGTGATGTGTCACAACCTGTTACAAAAGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt6817_L1_Tile_rc|1
ACAGTTTTGGTAGCACAGATGGACATATTTGTACTACGTGATGTGTCACAACCTGTTACAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6822_L1_Tile_rc|2
ACTCAACAGTTTTGGTAGCACAGATGGACATATTTGTACTACGTGATGTGTCACAACCTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6827_L1_Tile_rc|1
TGTAGACTCAACAGTTTTGGTAGCACAGATGGACATATTTGTACTACGTGATGTGTCACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6832_L1_Tile_rc|1
TTATATGTAGACTCAACAGTTTTGGTAGCACAGATGGACATATTTGTACTACGTGATGTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6837_L1_Tile_rc|1

AGGCTTTTATATGTAGACTCAACAGTTTTGGTAGCACAGATGGACATATTTGTACTACGTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6852_L1_Tile_rc|1
ATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAGACTCAACAGTTTTGGTAGCACAGATGGACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6857_L1_Tile_rc|1
CAAATATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAGACTCAACAGTTTTGGTAGCACAGAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6862_L1_Tile_rc|2
TGTCTCAAATATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAGACTCAACAGTTTTGGTAGCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6867_L1_Tile_rc|1
CTCCATGTCTCAAATATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAGACTCAACAGTTTTGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6872_L1_Tile_rc|1
TTCTTCTCCATGTCTCAAATATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAGACTCAACAGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt6882_L1_Tile_rc|2
GCAAATCAAATCTTCTCCATGTCTCAAATATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATATGTAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt6887_L1_Tile_rc|1
AAATTGCAAATCAAATCTTCTCCATGTCTCAAATATTCCATGAAACTAGAGGCTTTATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt6967_L1_Tile_rc|1
TCCTCCAGTAATGTAGCATCCATGCCATGTAAGTAGGCCATAATTTTCAGCTGTTAAATTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt7092_L1_Tile_rc|1
CATAGGGGTCTTTTTTCTGCAGGAGGAGGACTGTTTTTCTGACAGGTTATGGCCTGAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt7102_L1_Tile_rc|2
GTAAGATCTGCATAGGGGTCTTTTTTCTGCAGGAGGAGGACTGTTTTTCTGACAGGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7107_L1_Tile_rc|1
AAAATGTAAGATCTGCATAGGGGTCTTTTTTCTGCAGGAGGAGGACTGTTTTTCTGAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7237_L1_Tile_rc|1
GTAGATGCTGCAACCCTTTTACGGGACAATGCAGTAGGCCGCGAGCGGGTGCCACTTTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7257_L1_Tile_rc|1
GTTTGGGGGCGGTGGATGTGGTAGATGCTGCAACCCTTTTACGGGACAATGCAGTAGGCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5899_L1_Tile_rc|1
CTGTCCGTTGAGAGGTATGGCACAGTAAGGATGTCCTACAGTTAGTAGACGAGAACTGCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5909_L1_Tile_rc|1
TTTTTTTTGCCCTGTCCGTTGAGAGGTATGGCACAGTAAGGATGTCCTACAGTTAGTAGAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5914_L1_Tile_rc|1
GGTGTTTTTTTTGCCCTGTCCGTTGAGAGGTATGGCACAGTAAGGATGTCCTACAGTTAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt5919_L1_Tile_rc|1
GGAATGGTGTTTTTTTTTGCCCTGTCCGTTGAGAGGTATGGCACAGTAAGGATGTCCTACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6184_L1_Tile_rc|1
TTTGTAGTCAACAGATACATTGTCCCGACTGTCAGAATTGTCAGCCACAAGTAAGGAAGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6219_L1_Tile_rc|1
GGAGGCTTGACCCTATAATAAGCAATTGGGTCTGTTTGTAGTCAACAGATACATTGTCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6229_L1_Tile_rc|1
CTCACCAATGGGAGGCTTGACCCTATAATAAGCAATTGGGTCTGTTTGTAGTCAACAGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6234_L1_Tile_rc|1
CAATGCTCACCAATGGGAGGCTTGACCCTATAATAAGCAATTGGGTCTGTTTGTAGTCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6269_L1_Tile_rc|1
GAGAATTAGAGCCTGCACAAGGAGTGCCCTTGGTCCAATGCTCACCAATGGGAGGCTTGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6279_L1_Tile_rc|1
TCAGTTGGCTGAGAATTAGAGCCTGCACAAGGAGTGCCCTTGGTCCAATGCTCACCAATG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6284_L1_Tile_rc|1
GGCAGTCAGTTGGCTGAGAATTAGAGCCTGCACAAGGAGTGCCCTTGGTCCAATGCTCAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6314_L1_Tile_rc|1
GTATAGTGGAATTTGTAAATTCTAAAGGGGGCAGTCAGTTGGCTGAGAATTAGAGCCTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6564_L1_Tile_rc|1
CCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCTCACCCATTGTGCCCTGCCTATTAAAAAAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6569_L1_Tile_rc|1
AGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCTCACCCATTGTGCCCTGCCTATTAA

>HPV72_Alpha_1491683_nt6574_L1_Tile_rc|1
ACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCTCACCCATTGTGCCCTGCCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6579_L1_Tile_rc|1
TCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCTCACCCATTGTGCCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6584_L1_Tile_rc|1
CCCTGTCTCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCTCACCCATTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6589_L1_Tile_rc|1
TGTCACCCCTGTCTCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCTCACC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6614_L1_Tile_rc|1
TGGGAGAATAAAATATAACTACCAGGTGTCACCCTGTCTCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6624_L1_Tile_rc|1
CCGCTGGGGGTGGGAGAATAAAATATAACTACCAGGTGTCACCCTGTCTCGCTACCCGAGGCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6629_L1_Tile_rc|1
TAGAGCCGCTGGGGGTGGGAGAATAAAATATAACTACCAGGTGTCACCCTGTCTCGCTACCCG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6809_L1_Tile_rc|1
TAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGCAGTACAAATAGTTACATTAGTAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt6814_L1_Tile_rc|1
AAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGCAGTACAAATAGTTACATT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6819_L1_Tile_rc|1
TCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGCAGTACAAATAGTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6824_L1_Tile_rc|1
GATACTCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGCAGTACAAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6844_L1_Tile_rc|1
AAATTCTCAGTGTGGCGAAGATACTCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7069_L1_Tile_rc|1
TAAGTTAGCATATGGATCTTCTTTAGGAGGAGGGGTGGCAGCCCCCTTTTGACAGGTAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5595_L1_Tile_rc|1
GAGAATCCTTGATAGGAAAATATGGGTGTCCACAGCCAACAAACGTGTGCTACCTGCAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5600_L1_Tile_rc|1
TTTTTTGAGAATCCTTGATAGGAAAATATGGGTGTCCACAGCCAACAAACGTGTGCTACC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5610_L1_Tile_rc|1
TGGTTTTACGTTTTTGAGAATCCTTGATAGGAAAATATGGGTGTCCACAGCCAACAAAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5620_L1_Tile_rc|1
TTAGGAACATATGGTTTTACGTTTTTGAGAATCCTTGATAGGAAAATATGGGTGTCCACA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5625_L1_Tile_rc|1
AAACTTTAGGAACATATGGTTTTACGTTTTTGAGAATCCTTGATAGGAAAATATGGGTGTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5630_L1_Tile_rc|1
ACCTGAAACTTTAGGAACATATGGTTTTACGTTTTTGAGAATCCTTGATAGGAAAATATGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5850_L1_Tile_rc|1
TATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGCATTTTCAGTATCATCTAATTTATTCATAAATG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5860_L1_Tile_rc|1
CTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGCATTTTCAGTATCATCTAATTTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5865_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGCATTTTCAGTATCATCTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5870_L1_Tile_rc|1
CATACATTCTCTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGCATTTTCAGTATC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5875_L1_Tile_rc|1
ACTGACATACATTCTCTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGCATTTTCA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5880_L1_Tile_rc|1
AATCCACTGACATACATTCTCTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGCAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5885_L1_Tile_rc|1
TTTATAATCCACTGACATACATTCTCTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6010_L1_Tile_rc|1
GGGGTGTCTTTAATTCAGTGGGGGACAATCACCAGTATTAACAGTTTGTGAAGTACAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6015_L1_Tile_rc|1

GTATAGGGGTGTTCTTTAATTCCAGTGGGGGACAATCACCAGTATTAACAGTTTGTGAAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6255_L1_Tile_rc|1
TTAGGTCATCTGGGATTTTATCACCAGGTATCACCAGCCCTGTTAAATAAGTGTCGAACAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6265_L1_Tile_rc|1
CCTTTAATCATTAGGTCATCTGGGATTTTATCACCAGGTATCACCAGCCCTGTTAAATAAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6285_L1_Tile_rc|1
GTGTTGCAGTATTGCCTGTGCCTTTAATCATTAGGTCATCTGGGATTTTATCACCAGGTAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6495_L1_Tile_rc|1
TTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAGAAAAATTAGTGCTTCTAGTAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6500_L1_Tile_rc|1
ATACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAGAAAAATTAGTGCTTCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6505_L1_Tile_rc|1
TTGGCATACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAGAAAAATTAGTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6510_L1_Tile_rc|1
TAGAGTTGGCATACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAGAAAAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6515_L1_Tile_rc|1
AAAATTAGAGTTGGCATACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAGA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6520_L1_Tile_rc|1
TCCTTAAATTAGAGTTGGCATACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6525_L1_Tile_rc|1
AATATTCCTTAAATTAGAGTTGGCATACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt6920_L1_Tile_rc|1
AGGTGTGGCACTTGTGGTAGCAGATGCAGAACGTTTAGAAGCTTGTAACCTAGGACGTGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6925_L1_Tile_rc|1
TTCTTAGGTGTGGCACTTGTGGTAGCAGATGCAGAACGTTTAGAAGCTTGTAACCTAGGA
>HPV74_Alpha_27462483_nt5714_L1_Tile_rc|1
TTAGGAACAACCTGTTTTGTAACTGTTTTATAGGGAAATAGGGATTTTCCTACAGCAAGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt5719_L1_Tile_rc|1
ACACTTTAGGAACAACCTGTTTTGTAACTGTTTTATAGGGAAATAGGGATTTTCCTACAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt5724_L1_Tile_rc|1
TCCAGACACTTTAGGAACAACCTGTTTTGTAACTGTTTTATAGGGAAATAGGGATTTCC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6099_L1_Tile_rc|1
AGTAATTAATTCTAATGCAGGGCAATCGCCTGGCTTTACAGTAACATTAGAACATTGCTT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6104_L1_Tile_rc|1
ACACTAGTAATTAATTCTAATGCAGGGCAATCGCCTGGCTTTACAGTAACATTAGAACAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6109_L1_Tile_rc|1
GAATTACACTAGTAATTAATTCTAATGCAGGGCAATCGCCTGGCTTTACAGTAACATTAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6374_L1_Tile_rc|1
GTACCACGTGTAGTACCCTTAATATATAGGTCCTGGGGAATGTCTCACCCTGTTCCA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6399_L1_Tile_rc|1
ATTAAAGTAAATAGCATTGGCAAGTGTAACACGTGTAGTACCCTTAATATATAGGTCCTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6404_L1_Tile_rc|1
GGGGTATTAAAGTAAATAGCATTGGCAAGTGTAACACGTGTAGTACCCTTAATATATAGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6594_L1_Tile_rc|1
AGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAGTAGGCGCACACACTGTCATGTTAGTACT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6599_L1_Tile_rc|1
GTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAGTAGGCGCACACACTGTCATGTTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6604_L1_Tile_rc|1
AGTCTGTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAGTAGGCGCACACACTGTCA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6609_L1_Tile_rc|1
TTTGTAGTCTGTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAGTAGGCGCACACAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6619_L1_Tile_rc|1
TCATGTATTGTTGTAGTCTGTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAGTAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6624_L1_Tile_rc|1
ATGTCTCATGTATTGTTGTAGTCTGTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGT

>HPV74_Alpha_27462483_nt7014_L1_Tile_rc|1
AGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAACGCTTTTTACCTACACGAACCGAAGAGCG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7029_L1_Tile_rc|1
AGAGCGTTTCTGTTTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAACGCTTTTTACCTAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7034_L1_Tile_rc|1
TTCCTAGAGCGTTTCTGTTTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAACGCTTTTTTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7041_L1_Tile_rc|1
CTATCGTTTCTCTAGAGCGTTTCTGTTTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAACG
>HPV75_Beta_2911544_nt6142_L1_Tile_rc|2
CTTTAGACATTGTTATATAATTATTTGAATTTTCAGTATCCTTTACTTTATTGAACAAAG
>HPV75_Beta_2911544_nt7112_L1_Tile_rc|1
GATAATTTTTCAGTTAGATCCACAGGCCAGAAAGTATATTGCTCATAAGGATCTTTCTTT
>HPV75_Beta_2911544_nt7122_L1_Tile_rc|2
CAAATCCAACGATAATTTTTCAGTTAGATCCACAGGCCAGAAAGTATATTGCTCATAAGG
>HPV75_Beta_2911544_nt7187_L1_Tile_rc|1
GTTACCTTGGAAGCCCTTCGTAAGCCTGCCTGAAAAAGGAATTTGCGTCCTAACGAGTAT
>HPV75_Beta_2911544_nt7192_L1_Tile_rc|1
TTCTGGTTACCTTGGAAGCCCTTCGTAAGCCTGCCTGAAAAAGGAATTTGCGTCCTAACG
>HPV76_Beta_2911551_nt6035_L1_Tile_rc|1
CCTTCTCAGGATTATAGACATTCATGTCTACCAAGGCGAATCTATTGGGATCTGGTAGTA
>HPV76_Beta_2911551_nt6045_L1_Tile_rc|1
ACCAGTCTTTCCTTCTCAGGATTATAGACATTCATGTCTACCAAGGCGAATCTATTGGGA
>HPV76_Beta_2911551_nt6050_L1_Tile_rc|1
CCCAAACAGTCTTTCCTTCTCAGGATTATAGACATTCATGTCTACCAAGGCGAATCTAT
>HPV76_Beta_2911551_nt6330_L1_Tile_rc|1
TCTATTACAGTATTTACCAGTTCCAAAGGTGGACATTTGCCTACCCCTCTGTCAGCATCA
>HPV76_Beta_2911551_nt6335_L1_Tile_rc|1
CATCTTCTATTACAGTATTTACCAGTTCCAAAGGTGGACATTTGCCTACCCCTCTGTCAG
>HPV76_Beta_2911551_nt6340_L1_Tile_rc|1
ATCTCCATCTTCTATTACAGTATTTACCAGTTCCAAAGGTGGACATTTGCCTACCCCTCT
>HPV76_Beta_2911551_nt7145_L1_Tile_rc|1
CTAATGACAATTTCTCAGTTAGATCCACTTGCCAAAAAATTGTATTGCTCATATGGATCCT
>HPV76_Beta_2911551_nt7150_L1_Tile_rc|1
CAAATCTAATGACAATTTCTCAGTTAGATCCACTTGCCAAAAAATTGTATTGCTCATATGG
>HPV76_Beta_2911551_nt7215_L1_Tile_rc|1
GATACTCTGGAAGCCCGTCGCAGGCCTGCTTGAAACAGAACTTGCGTCCTAAGGAATAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt5914_L1_Tile_rc|1
CATCCACCTTAGTACCAGAAGTTTTGGGAATAGCAAAATAGGGATGACCTACAGTTAACA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6284_L1_Tile_rc|1
CAGTCTCCTGGGGTAGTATTAGTACGTGCACAAGGGGTACCCTTACCCCAGTATTCCCCC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6289_L1_Tile_rc|1
GAGGACAGTCTCCTGGGGTAGTATTAGTACGTGCACAAGGGGTACCCTTACCCCAGTATT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6304_L1_Tile_rc|1
TCATTAACCTCCAAGGGAGGACAGTCTCCTGGGGTAGTATTAGTACGTGCACAAGGGGTAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6309_L1_Tile_rc|1
AGATGTCATTAACCTCCAAGGGAGGACAGTCTCCTGGGGTAGTATTAGTACGTGCACAAGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6319_L1_Tile_rc|1
CCTGAATATAAGATGTCATTAACCTCCAAGGGAGGACAGTCTCCTGGGGTAGTATTAGTAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6564_L1_Tile_rc|1
TTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCACCCGCACGATTGAAAAAGTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6569_L1_Tile_rc|1
CTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCACCCGCACGATTGAAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6574_L1_Tile_rc|1
CGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCACCCGCACGAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6579_L1_Tile_rc|1

ACGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCACCCGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6584_L1_Tile_rc|1
GTCTCAGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6589_L1_Tile_rc|1
CGGGAGTCTCAGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6594_L1_Tile_rc|1
ACTGCCGGGAGTCTCAGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6599_L1_Tile_rc|1
ATAGCACTGCCGGGAGTCTCAGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6604_L1_Tile_rc|1
TGTATATAGCACTGCCGGGAGTCTCAGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTG
>HPV77_Alpha_2911558_nt6804_L1_Tile_rc|1
GGCATCATAGGTAGATGGGGTTTGAGACTCAGTGGAGGCACTGAGAGACATATTTGTGCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6809_L1_Tile_rc|1
TTAGTGGCATCATAGGTAGATGGGGTTTGAGACTCAGTGGAGGCACTGAGAGACATATTT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6814_L1_Tile_rc|1
TTATTTTAGTGGCATCATAGGTAGATGGGGTTTGAGACTCAGTGGAGGCACTGAGAGACA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6819_L1_Tile_rc|1
TTCCTTTATTTAGTGGCATCATAGGTAGATGGGGTTTGAGACTCAGTGGAGGCACTGAG
>HPV77_Alpha_2911558_nt7229_L1_Tile_rc|1
CGCTTCCGTTTGGTCTGAAGCTGGGGAGGGGTGGGCGCCCGCGTTTGCAGAGAGGGAACC
>HPV77_Alpha_2911558_nt7242_L1_Tile_rc|2
TCACTTTTTTGGAGCGCTTCCGTTTGGTCTGAAGCTGGGGAGGGGGTGGGCGCCCGCGTTT
>HPV80_Beta_2911565_nt6084_L1_Tile_rc|1
TCAGTAGAACCTCCCTGGTAGCCACTATTATTTTCTGTGTCCTTAACTTTATTAAATAAA
>HPV80_Beta_2911565_nt6089_L1_Tile_rc|1
TGTCATCAGTAGAACCTCCCTGGTAGCCACTATTATTTTCTGTGTCCTTAACTTTATTAA
>HPV80_Beta_2911565_nt6094_L1_Tile_rc|1
CTGTCTGTTCATCAGTAGAACCTCCCTGGTAGCCACTATTATTTTCTGTGTCCTTAACTTT
>HPV80_Beta_2911565_nt6099_L1_Tile_rc|1
GTATTCTGTCTGTTCATCAGTAGAACCTCCCTGGTAGCCACTATTATTTTCTGTGTCCTTA
>HPV80_Beta_2911565_nt6249_L1_Tile_rc|1
TCAATCAGTATTTTTTAAGTTCTAATGGAGGACATTTTCCAGCTTGTTATTTTCTTCT
>HPV80_Beta_2911565_nt6579_L1_Tile_rc|1
CCACTAACAGTAGGAAAATATGTGGAATTTGCTAAAACACGTTGTTGCTGGCCTGTTTGT
>HPV80_Beta_2911565_nt6589_L1_Tile_rc|1
TACTAAAGAGCCACTAACAGTAGGAAAATATGTGGAATTTGCTAAAACACGTTGTTGCTG
>HPV80_Beta_2911565_nt6594_L1_Tile_rc|1
GAAGTTACTAAAGAGCCACTAACAGTAGGAAAATATGTGGAATTTGCTAAAACACGTTGT
>HPV80_Beta_2911565_nt6734_L1_Tile_rc|1
CAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGTTCCTTGTATTATCAGCAACAGTAATAAACA
>HPV80_Beta_2911565_nt6744_L1_Tile_rc|1
GTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGTTCCTTGTATTATCAGCAACA
>HPV80_Beta_2911565_nt6749_L1_Tile_rc|1
TTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGTTCCTTGTATTATCAG
>HPV80_Beta_2911565_nt6754_L1_Tile_rc|1
TTCAGTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGTTCCTTGTATT
>HPV80_Beta_2911565_nt6769_L1_Tile_rc|1
ATTTTGTGTATTATATTACAGTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATT
>HPV80_Beta_2911565_nt6774_L1_Tile_rc|1
CTAATATTTTGTGTATTATATTACAGTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTG
>HPV80_Beta_2911565_nt7139_L1_Tile_rc|1
ATCTGATGGTTTTGGGACGTCTTTGTAAACCTGCCTGAAATATAAAATTTCCCTTCCTAAAG
>HPV80_Beta_2911565_nt7144_L1_Tile_rc|1
AGAAGATCTGATGGTTTTGGGACGTCTTTGTAAACCTGCCTGAAATATAAAATTTCCCTTC

>HPV80_Beta_2911565_nt7149_L1_Tile_rc|1
TTTACAGAAGATCTGATGGTTTTGGGACGTCTTTGTAAACCTGCCTGAAATATAAATTTTC
>HPV80_Beta_2911565_nt7154_L1_Tile_rc|1
AAACTTTTACAGAAGATCTGATGGTTTTGGGACGTCTTTGTAAACCTGCCTGAAATATAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5775_L1_Tile_rc|1
TATGTTTTTTAGGGAAGAATATATAAGAAGGAAACAAGTAAAAATCAGTGCCAACAACAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5780_L1_Tile_rc|1
ACGTTTATGTTTTTTAGGGAAGAATATATAAGAAGGAAACAAGTAAAAATCAGTGCCAAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5985_L1_Tile_rc|1
AGTGGAAACGCTTTCCTTGGGTACCAATAGTTAATGTACAATATGGATGCCCTACAGTAAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5990_L1_Tile_rc|1
GGAATAGTGGAACGCTTTCCTTGGGTACCAATAGTTAATGTACAATATGGATGCCCTACA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5995_L1_Tile_rc|1
CCTTGGGAATAGTGGAACGCTTTCCTTGGGTACCAATAGTTAATGTACAATATGGATGCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6275_L1_Tile_rc|1
ATAATTAATAATTGTGTTTGCTTATAATCAACTGAAATATTGTCACGACTGTCCTCACTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt6355_L1_Tile_rc|1
GGCATTTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCACAAAAGGTACCCCGGGCCAGTGCTCCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6370_L1_Tile_rc|1
TAAACTCCAAGGGGGGGCATTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCACAAAAGGTACCCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6375_L1_Tile_rc|1
ATTTTTAAACTCCAAGGGGGGGCATTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCACAAAAGGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt6380_L1_Tile_rc|1
GTTGTATTTTTAAACTCCAAGGGGGGGCATTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCACAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt6675_L1_Tile_rc|1
AATATAACTCCCGGGGGTTATTCTGTCACTGCCTGCAGCACCCCTTCATATATAAGTCTGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6870_L1_Tile_rc|1
CTTGTATTCTGCAGCAGCAGATGTAGCTGTGCAAATAGTAAATTTGGTGCTTCTGGTAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5927_L1_Tile_rc|1
GGTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGAGTTTTTCAGTATCATCATACTTATTAAATAAAGGAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5932_L1_Tile_rc|1
CTGTTGGTTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGAGTTTTTCAGTATCATCATACTTATTAAATAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt5937_L1_Tile_rc|1
ACATCCTGTTGGTTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGAGTTTTTCAGTATCATCATACTTATTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt5942_L1_Tile_rc|2
CCCTAACATCCTGTTGGTTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGAGTTTTTCAGTATCATCATACT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5947_L1_Tile_rc|1
GTTGTCCCTAACATCCTGTTGGTTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGAGTTTTTCAGTATCATC
>HPV82_Alpha_6970427_nt5952_L1_Tile_rc|1
GATATGTTGTCCCTAACATCCTGTTGGTTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGAGTTTTTCAGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt5957_L1_Tile_rc|1
CCACAGATATGTTGTCCCTAACATCCTGTTGGTTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGAGTTTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5962_L1_Tile_rc|2
GTTGTCCACAGATATGTTGTCCCTAACATCCTGTTGGTTCGTTGCCATTGGCAAACCTAGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6187_L1_Tile_rc|1
CTGAGCAATATCCAATGGAACATCTGATTTAGTAGCTTGTAATAGCAAAATCCATGGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6207_L1_Tile_rc|1
TCAGGGTATTTACACACAGACTGAGCAATATCCAATGGAACATCTGATTTAGTAGCTTGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6322_L1_Tile_rc|2
AATGGCATCACCACACACAGCCTTATTATAGTAATGCCTAGCAAATATTTGCTCCCT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6327_L1_Tile_rc|1
TCTGGAATGGCATCACCACACACAGCCTTATTATAGTAATGCCTAGCAAATATTTGCTCCCT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6337_L1_Tile_rc|1
ATAAGCCTTGCTGGAATGGCATCACCACACACAGCCTTATTATAGTAATGCCTAGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6352_L1_Tile_rc|1

ACCAGTACCCTTAATATAAGCCTTGTCTGGAATGGCATCACCAACCACACCAGCCTTATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6372_L1_Tile_rc|1
CTAATAGGGTCGCGGCCAGCACCAGTACCCTTAATATAAGCCTTGTCTGGAATGGCATCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6562_L1_Tile_rc|2
TGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATTGGTACTTTTAGTAGTGTCAACACAAGTAAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6567_L1_Tile_rc|1
ACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATTGGTACTTTTAGTAGTGTCAACACAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6572_L1_Tile_rc|1
GTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATTGGTACTTTTAGTAGTGTCAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6577_L1_Tile_rc|1
TGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATTGGTACTTTTAGTAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6582_L1_Tile_rc|2
GTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATTGGTACTTTTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6587_L1_Tile_rc|1
CTGGAGTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATTGGTAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6592_L1_Tile_rc|1
GTTTGTCTGGAGTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTTAAATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6597_L1_Tile_rc|1
TTAAAGTTTGTCTGGAGTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGTGCTAATGGTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6607_L1_Tile_rc|1
AATGTACTGCTTAAAGTTTGTCTGGAGTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACAGCAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6612_L1_Tile_rc|1
TGCCTAATGTACTGCTTAAAGTTTGTCTGGAGTAAATGTTTGTGCAACAGATGGAGTAACA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6702_L1_Tile_rc|2
GAATCCATGGTGTGCAGGTAAGCCATAATTTTCAGTAGTTAAAGTGATTTTACACAATTGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6707_L1_Tile_rc|1
TTGTAGAATCCATGGTGTGCAGGTAAGCCATAATTTTCAGTAGTTAAAGTGATTTTACACA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6712_L1_Tile_rc|1
TAAATTTGTAGAATCCATGGTGTGCAGGTAAGCCATAATTTTCAGTAGTTAAAGTGATTTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6717_L1_Tile_rc|1
TGTTCTAAAATTGTAGAATCCATGGTGTGCAGGTAAGCCATAATTTTCAGTAGTTAAAGTG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6722_L1_Tile_rc|2
TCCACTGTTCTAAAATTGTAGAATCCATGGTGTGCAGGTAAGCCATAATTTTCAGTAGTTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6792_L1_Tile_rc|1
GTTGCTGCATTTTTTACAAATCGATAGGCATCCTCCAAACTAGCGGAGGGGGGCAATGTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6882_L1_Tile_rc|2
GAAAAGCGTTCCTTAAAGGTCTACATTCCAAAATTTATATTTTGCCAAAGGGTCTTCTTTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5868_L1_Tile_rc|1
GTGGCTTTTTTTCCTTGACCATTAACCTGTACAGGATAATATGGATGTCCTACGGTAAGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5873_L1_Tile_rc|1
GGATAGTGGCTTTTTTTCCTTGACCATTAACCTGTACAGGATAATATGGATGTCCTACGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt5878_L1_Tile_rc|1
CTTGGGGATAGTGGCTTTTTTTCCTTGACCATTAACCTGTACAGGATAATATGGATGTCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6158_L1_Tile_rc|1
TGATAATAAGCTGCGTTTGTGTGTAATCCACTGAGACATTGTCACGCCTATCTGTGTCTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6163_L1_Tile_rc|1
CCCAATGATAATAAGCTGCGTTTGTGTGTAATCCACTGAGACATTGTCACGCCTATCTGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6168_L1_Tile_rc|1
TTACACCCAATGATAATAAGCTGCGTTTGTGTGTAATCCACTGAGACATTGTCACGCCTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6178_L1_Tile_rc|1
TATTGGGGGCTTACACCCAATGATAATAAGCTGCGTTTGTGTGTAATCCACTGAGACATT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6528_L1_Tile_rc|1
GCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAGCACCTCGCCCATAGTGCCATGCCTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6533_L1_Tile_rc|1
TATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAGCACCTCGCCCATAGTGCCAT

>HPV83_Alpha_5059324_nt6538_L1_Tile_rc|1
CCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAGCACCTCGCCCATAGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6543_L1_Tile_rc|1
GTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAGCACCTCGCCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6548_L1_Tile_rc|1
TAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAGCACCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6553_L1_Tile_rc|1
GCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6558_L1_Tile_rc|1
ATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6563_L1_Tile_rc|1
CATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6573_L1_Tile_rc|1
GGAGTAGGAGCATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6583_L1_Tile_rc|1
GGAGCCACTAGGAGTAGGAGCATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCCTACTATTAGCAGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6593_L1_Tile_rc|1
ACGATACCAGGGAGCCACTAGGAGTAGGAGCATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCCTAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6598_L1_Tile_rc|1
ATCGGACGATACCAGGGAGCCACTAGGAGTAGGAGCATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6838_L1_Tile_rc|1
GGTCAGATGTATTTTGCAAAGTTGCAATATAACCTGTAAGTCATATTCCTCTGTGTGGCG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6843_L1_Tile_rc|1
TCAGGGGTCAGATGTATTTTGCAAAGTTGCAATATAACCTGTAAGTCATATTCCTCTGTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6858_L1_Tile_rc|1
AGGTATGCCATAATTTTCAGGGGTCAGATGTATTTTGCAAAGTTGCAATATAACCTGTAAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt7108_L1_Tile_rc|1
ACCCAGTTGCAAAAGAACTTACGGCCCAAAGGAACTGATCTAAATCTGTGGATAGTTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt6196_L1_Tile_rc|1
GTAGAATTAGTGAAGTCAAAGGGGGGCAATCACCCGCACGATATTGCACATTAGTACAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt6201_L1_Tile_rc|1
CAATGGTAGAATTAGTGAAGTCAAAGGGGGGCAATCACCCGCACGATATTGCACATTAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6466_L1_Tile_rc|1
GCCCCGGGAGGAGTCCCCTTAAGGTAAAAAGACTGAGGCACCTCCTCACCCATAGTACCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6471_L1_Tile_rc|1
GGGTGCCCCGGGAGGAGTCCCCTTAAGGTAAAAAGACTGAGGCACCTCCTCACCCATAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6481_L1_Tile_rc|1
GAACTGCTAAGGGTTGCCCCGGGAGGAGTCCCCTTAAGGTAAAAAGACTGAGGCACCTCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6486_L1_Tile_rc|1
ACACAGAACTGCTAAGGGTTGCCCCGGGAGGAGTCCCCTTAAGGTAAAAAGACTGAGGCA
>HPV84_Alpha_12958167_nt6691_L1_Tile_rc|1
AAATTGGTAGGTTTATATTCTGATTCCGGTGTGGTAGCAGCACTAATAGTAAAATTGGTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt6696_L1_Tile_rc|1
CCTTAAAATTGGTAGGTTTATATTCTGATTCCGGTGTGGTAGCAGCACTAATAGTAAAAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt6701_L1_Tile_rc|1
GTATTCCTTAAAATTGGTAGGTTTATATTCTGATTCCGGTGTGGTAGCAGCACTAATAGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7076_L1_Tile_rc|1
GGCAGACGCTGTACGTTTACGGGACACCAGGGTGGAACGTGGGGCAGACTGCAATAAAAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7111_L1_Tile_rc|1
TTGGCCTTACGCCGTTTGGAGGCAGGGGGGGTAGAGGCAGACGCTGTACGTTTACGGGAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt7116_L1_Tile_rc|1
ACTTTTTTGGCCTTACGCCGTTTGGAGGCAGGGGGGGTAGAGGCAGACGCTGTACGTTTAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt7118_L1_Tile_rc|1
TTACTTTTTTGGCCTTACGCCGTTTGGAGGCAGGGGGGGTAGAGGCAGACGCTGTACGTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5721_L1_Tile_rc|1

CCTCCATTTGAGGTAAC TTTATAGTATGGATGTCCAACGGTTAGAAGCCTAGAGCTGCCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5736_L1_Tile_rc|1
ATGTCTTGCTTGCGGCCTCCATTTGAGGTAAC TTTATAGTATGGATGTCCAACGGTTAGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5966_L1_Tile_rc|1
CTACAGAAGTAGCAACATGGGAATTTTCTGTGTCATCCAATTTGTTGTAAAAGGGATGAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5971_L1_Tile_rc|1
TGTAAC TACAGAAGTAGCAACATGGGAATTTTCTGTGTCATCCAATTTGTTGTAAAAGGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5976_L1_Tile_rc|1
TCGTGTGTAACTACAGAAGTAGCAACATGGGAATTTTCTGTGTCATCCAATTTGTTGTAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5981_L1_Tile_rc|1
TAGTGTGCTGTGTAACTACAGAAGTAGCAACATGGGAATTTTCTGTGTCATCCAATTTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5986_L1_Tile_rc|1
ATCTCTAGTGTGCTGTGTAACTACAGAAGTAGCAACATGGGAATTTTCTGTGTCATCCAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6001_L1_Tile_rc|1
ATCCACTGACACATTATCTCTAGTGTGCTGTGTAACTACAGAAGTAGCAACATGGGAATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6131_L1_Tile_rc|1
GTGTATTTACTAGTTCTAATGGAGGACAGTCACCTGTTTGCACAGCACCGGGCTTACAGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6136_L1_Tile_rc|1
AATAGGTGTATTTACTAGTTCTAATGGAGGACAGTCACCTGTTTGCACAGCACCGGGCTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6376_L1_Tile_rc|1
TAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCTATAGTGCCTCCCCTGTTCCAAAAATGGCGTGCAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6381_L1_Tile_rc|1
ATATATAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCTATAGTGCCTCCCCTGTTCCAAAAATGGCGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6386_L1_Tile_rc|1
CTTTTATATATAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCTATAGTGCCTCCCCTGTTCCAAAAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6391_L1_Tile_rc|1
AGTACCTTTTATATATAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCTATAGTGCCTCCCCTGTTCCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6396_L1_Tile_rc|1
TCATTAGTACCTTTTATATATAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCTATAGTGCCTCCCCTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6401_L1_Tile_rc|1
CCCTATCATTAGTACCTTTTATATATAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCTATAGTGCCTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6406_L1_Tile_rc|1
TGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTTATATATAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCTATAGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6411_L1_Tile_rc|1
CCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTTATATATAATGTTTCCGGTACTGCATCTCCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6416_L1_Tile_rc|1
AGCTTCCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTTATATATAATGTTTCCGGTACTGCAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6421_L1_Tile_rc|1
AATACAGCTTCCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTTATATATAATGTTTCCGGTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6426_L1_Tile_rc|1
GAATAAATACAGCTTCCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTTATATATAATGTTTCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6431_L1_Tile_rc|1
ATGGAGAATAAATACAGCTTCCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTTATATATAATG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6436_L1_Tile_rc|1
AGGTGATGGAGAATAAATACAGCTTCCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTTATATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6441_L1_Tile_rc|1
CCACTAGGTGATGGAGAATAAATACAGCTTCCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTACCTTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6446_L1_Tile_rc|1
TAGACCCACTAGGTGATGGAGAATAAATACAGCTTCCAGGTGTTGCCCTATCATTAGTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6586_L1_Tile_rc|1
AGATAAGGTAAGATTGGTACTACGTGTTGTGTCTACCACAGTTATAAATAATTGGTTGTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6606_L1_Tile_rc|1
ACTGGATTAGTAGTTGCAGTAGATAAGGTAAGATTGGTACTACGTGTTGTGTCTACCACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6611_L1_Tile_rc|1
ATGGAAC TGGATTAGTAGTTGCAGTAGATAAGGTAAGATTGGTACTACGTGTTGTGTCTA

>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6616_L1_Tile_rc|1
TATAGATGGAAGTGGATTAGTAGTTGCAGTAGATAAGGTAAGATTGGTACTACGTGTTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6621_L1_Tile_rc|1
TCATATATAGATGGAAGTGGATTAGTAGTTGCAGTAGATAAGGTAAGATTGGTACTACGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6661_L1_Tile_rc|1
TTCTCTACATGGCGTGTGTATTCCCTTAAATTTAGAAGGTTTCATATATAGATGGAAGTGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6741_L1_Tile_rc|1
GGATCCATGTTATGTATATAAGACATAACATCAGTAGTAAGTGTAATTTTACACAATTGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6746_L1_Tile_rc|1
TAGTAGGATCCATGTTATGTATATAAGACATAACATCAGTAGTAAGTGTAATTTTACACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6751_L1_Tile_rc|1
TAAATAGTAGGATCCATGTTATGTATATAAGACATAACATCAGTAGTAAGTGTAATTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6756_L1_Tile_rc|1
CTATCTAAAATAGTAGGATCCATGTTATGTATATAAGACATAACATCAGTAGTAAGTGTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6761_L1_Tile_rc|1
TCCAACATCTAAAATAGTAGGATCCATGTTATGTATATAAGACATAACATCAGTAGTAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6826_L1_Tile_rc|1
AGATGACTGTAAAAACCTATATGTATCTACTAAGCTAGCAGATGGGGGAGGACTAACACC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6886_L1_Tile_rc|1
TAATTTTTCATATGGATCCTTTTTTTGTGGAACAACCATCCTTCTGACATGTAATGGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6931_L1_Tile_rc|1
TAAATCAGATGAAAAATGTTCTTTAAGATCCACATTCCAAAACCTTAATTTTTCATATGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7011_L1_Tile_rc|1
ACACGTTTCCTAGGGCCTATGGTGGGTTTAGGTCGTAACCCAGCCTGTAATAAAAACTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7026_L1_Tile_rc|1
GTAGAAGTAGAAGCAACACGTTTCCTAGGGCCTATGGTGGGTTTAGGTCGTAACCCAGCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7031_L1_Tile_rc|1
TAGCAGTAGAAGTAGAAGCAACACGTTTCCTAGGGCCTATGGTGGGTTTAGGTCGTAACC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7036_L1_Tile_rc|1
CCTAGTAGCAGTAGAAGTAGAAGCAACACGTTTCCTAGGGCCTATGGTGGGTTTAGGTCG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7041_L1_Tile_rc|1
GAGGGCCTAGTAGCAGTAGAAGTAGAAGCAACACGTTTCCTAGGGCCTATGGTGGGTTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7051_L1_Tile_rc|1
TTTCCGTTTGGAGGGCCTAGTAGCAGTAGAAGTAGAAGCAACACGTTTCCTAGGGCCTAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7056_L1_Tile_rc|1
GTACGTTTCCGTTTGGAGGGCCTAGTAGCAGTAGAAGTAGAAGCAACACGTTTCCTAGGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7061_L1_Tile_rc|1
TAGCAGTACGTTTCCGTTTGGAGGGCCTAGTAGCAGTAGAAGTAGAAGCAACACGTTTCC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6186_L1_Tile_rc|1
GAATTGGTAAACTGTAATGGGGGGCAGTCCCTGGTTTAGGCTGCACATTAGAACACACT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6486_L1_Tile_rc|1
GCATATACATAACTGCTAAGGGATCCTCGGGGGCCTGAGGAGCCCTTTAAATAATAAGTT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6491_L1_Tile_rc|1
TGGGTGCATATACATAACTGCTAAGGGATCCTCGGGGGCCTGAGGAGCCCTTTAAATAAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt6701_L1_Tile_rc|1
TTAGATATTCATTAACTTAGAGGGGTCATATTCAGAGGCCTTCTGGGTAGCGGCACTAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5878_L1_Tile_rc|1
TTGTTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAAGGATAGTAAGGGTGACCCACAGTAAGCAGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5883_L1_Tile_rc|1
ATTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAAGGATAGTAAGGGTGACCCACAGTAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5888_L1_Tile_rc|1
ATTGGATTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAAGGATAGTAAGGGTGACCCAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5893_L1_Tile_rc|1
GGAATATTGGATTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAAGGATAGTAAGGGTGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5898_L1_Tile_rc|1

CCTTTGGAATATTGGATTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAACTGGATAGTAAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5903_L1_Tile_rc|1
AGACACCTTTGGAATATTGGATTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAACTGGATA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5908_L1_Tile_rc|1
TAGCCAGACACCTTTGGAATATTGGATTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAACT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6243_L1_Tile_rc|1
TGGGCTGTACATTGGCACAACAGTACCCTTACTCCAATGCTCCCCCTATAGAGGGCTTAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6248_L1_Tile_rc|1
TGTCTTGGGCTGTACATTGGCACAACAGTACCCTTACTCCAATGCTCCCCCTATAGAGGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6253_L1_Tile_rc|1
TCCCCCTGTCTTGGGCTGTACATTGGCACAACAGTACCCTTACTCCAATGCTCCCCCTATA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6268_L1_Tile_rc|1
TGCAATGGTGGACAATCCCCTGTCTTGGGCTGTACATTGGCACAACAGTACCCTTACTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6283_L1_Tile_rc|1
GTAGAATTAGTAAATTGCAATGGTGGACAATCCCCTGTCTTGGGCTGTACATTGGCACA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6288_L1_Tile_rc|1
GAATAGTAGAATTAGTAAATTGCAATGGTGGACAATCCCCTGTCTTGGGCTGTACATTGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6558_L1_Tile_rc|1
CCCTAGGGCCAGACGACGCCCCCTTCAAAAAATAGGTGTCAGGGACCTCCTCGCCCATAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6568_L1_Tile_rc|1
CTTAAAGAGGCCCTAGGGCCAGACGACGCCCCCTTCAAAAAATAGGTGTCAGGGACCTCC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6583_L1_Tile_rc|1
GCATACACATAACTGCTTAAAGAGGCCCTAGGGCCAGACGACGCCCCCTTCAAAAAATAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6798_L1_Tile_rc|1
TTAAATATTCTTAAACTTTGTGGGGTCATATTCAGTGGTTGTTTGAGTGGCAGCACTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5321_L1_Tile_rc|1
ATAATATTTTTGCCACAGGTTTAGCCGGCGGAAGGAACAGCTTCCCAGTTTGTGTGGCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5326_L1_Tile_rc|1
TGTAGATAATATTTTTGCCACAGGTTTAGCCGGCGGAAGGAACAGCTTCCCAGTTTGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5336_L1_Tile_rc|1
CATAATCATCTGTAGATAATATTTTTGCCACAGGTTTAGCCGGCGGAAGGAACAGCTTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5341_L1_Tile_rc|1
AATAACATAATCATCTGTAGATAATATTTTTGCCACAGGTTTAGCCGGCGGAAGGAACAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5356_L1_Tile_rc|1
ATGTAAGTGAAGTTCCAATAACATAATCATCTGTAGATAATATTTTTGCCACAGGTTTAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5361_L1_Tile_rc|1
TGAAAATGTAAGTGAAGTTCCAATAACATAATCATCTGTAGATAATATTTTTGCCACAGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5366_L1_Tile_rc|1
CAGCATGAAAATGTAAGTGAAGTTCCAATAACATAATCATCTGTAGATAATATTTTTGCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5376_L1_Tile_rc|1
CGATCAGTGCCAGCATGAAAATGTAAGTGAAGTTCCAATAACATAATCATCTGTAGATAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5381_L1_Tile_rc|1
ACAGACGATCAGTGCCAGCATGAAAATGTAAGTGAAGTTCCAATAACATAATCATCTGTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5386_L1_Tile_rc|1
TGTTAACAGACGATCAGTGCCAGCATGAAAATGTAAGTGAAGTTCCAATAACATAATCATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5391_L1_Tile_rc|1
TCTACTGTTAACAGACGATCAGTGCCAGCATGAAAATGTAAGTGAAGTTCCAATAACATAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5396_L1_Tile_rc|1
GATGGTCTACTGTTAACAGACGATCAGTGCCAGCATGAAAATGTAAGTGAAGTTCCAATAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5411_L1_Tile_rc|1
TAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTACTGTTAACAGACGATCAGTGCCAGCATGAAAATGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5426_L1_Tile_rc|1
GATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTACTGTTAACAGACGATCAGTGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5436_L1_Tile_rc|1
ATTTTGTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTACTGTTAACAGA

>HPV88_Gamma_167600365_nt5441_L1_Tile_rc|1
TCTCAATTTTGTGTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTACTGTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5446_L1_Tile_rc|1
AGGAATCTCAATTTTGTGTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5451_L1_Tile_rc|1
ACCTTAGGAATCTCAATTTTGTGTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5456_L1_Tile_rc|1
CAGACACCTTAGGAATCTCAATTTTGTGTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5461_L1_Tile_rc|1
GCATGCAGACACCTTAGGAATCTCAATTTTGTGTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5516_L1_Tile_rc|1
CTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTTTCAGCCTAAACACTCGATATTGGCATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5521_L1_Tile_rc|1
CTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTTTCAGCCTAAACACTCGATATTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5526_L1_Tile_rc|1
ATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTTTCAGCCTAAACACTCGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5531_L1_Tile_rc|1
TGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTTTCAGCCTAAACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5536_L1_Tile_rc|1
AGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTTTCAGCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5541_L1_Tile_rc|1
CGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5546_L1_Tile_rc|1
GTTTCACGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5551_L1_Tile_rc|1
TAAACGTTTCACGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5556_L1_Tile_rc|1
CAAACCTAAACGTTTCACGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5566_L1_Tile_rc|1
TTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCACGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5571_L1_Tile_rc|1
ATACCTTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCACGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5576_L1_Tile_rc|1
TTTGAATACCTTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCACGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5581_L1_Tile_rc|1
ACCAATTTGAATACCTTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCACGTTTCAGGATTGAAAATTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5586_L1_Tile_rc|1
CCTCTACCAATTTGAATACCTTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCACGTTTCAGGATTGAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5591_L1_Tile_rc|1
GTCCACCTCTACCAATTTGAATACCTTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCACGTTTCAGGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5596_L1_Tile_rc|1
TAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGAATACCTTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCACGTTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5601_L1_Tile_rc|1
ACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGAATACCTTTTAATTTCCAAACTAAACGTTTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5616_L1_Tile_rc|1
TGACCTGCAGTACCTACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGAATACCTTTTAATTTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5621_L1_Tile_rc|1
AAGGATGACCTGCAGTACCTACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGAATACCTTTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5626_L1_Tile_rc|1
AAATAAAGGATGACCTGCAGTACCTACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGAATACC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5631_L1_Tile_rc|1
TTGTTAAATAAAGGATGACCTGCAGTACCTACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5636_L1_Tile_rc|1
GAGCTTTGTTAAATAAAGGATGACCTGCAGTACCTACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5666_L1_Tile_rc|1

GTGGATAATCATTAGGATTTTCAGTATCTGGAGCTTTGTTAAATAAAGGATGACCTGCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5676_L1_Tile_rc|1
GTTTGAGCTGGTGGATAATCATTAGGATTTTCAGTATCTGGAGCTTTGTTAAATAAAGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5681_L1_Tile_rc|1
CATCTGTTTGAGCTGGTGGATAATCATTAGGATTTTCAGTATCTGGAGCTTTGTTAAATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5731_L1_Tile_rc|1
TATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCATAGACACGTTACGTCTGTCTTCATCTGTTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5736_L1_Tile_rc|1
CCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCATAGACACGTTACGTCTGTCTTCATCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5741_L1_Tile_rc|1
TGCAACCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCATAGACACGTTACGTCTGTCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5746_L1_Tile_rc|1
AGGAATGCAACCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCATAGACACGTTACGTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5751_L1_Tile_rc|1
TCTGCAGGAATGCAACCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCATAGACACGTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5756_L1_Tile_rc|1
CACCATCTGCAGGAATGCAACCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCATAGACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5761_L1_Tile_rc|1
ATATTCACCATCTGCAGGAATGCAACCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5806_L1_Tile_rc|1
TCCTGCATTTCGCCTGATCTCCAACACATGGTTTAGCAACATCCCAATATTCACCATCTGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5811_L1_Tile_rc|1
CAGTCTCCTGCATTTCGCCTGATCTCCAACACATGGTTTAGCAACATCCCAATATTCACCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5816_L1_Tile_rc|1
GTGGACAGTCTCCTGCATTTCGCCTGATCTCCAACACATGGTTTAGCAACATCCCAATATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5826_L1_Tile_rc|1
AACTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTTCGCCTGATCTCCAACACATGGTTTAGCAACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5831_L1_Tile_rc|1
TAACTAACTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTTCGCCTGATCTCCAACACATGGTTTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5836_L1_Tile_rc|1
AGCATTAACCTAAGTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTTCGCCTGATCTCCAACACATGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5841_L1_Tile_rc|1
ATAACAGCATTAACCTAAGTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTTCGCCTGATCTCCAACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5846_L1_Tile_rc|1
CCTGAATAACAGCATTAACCTAAGTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTTCGCCTGATCTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5851_L1_Tile_rc|1
TCCGTCCTGAATAACAGCATTAACCTAAGTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTTCGCCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5856_L1_Tile_rc|1
ATTGTTCCGTCCTGAATAACAGCATTAACCTAAGTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5861_L1_Tile_rc|1
CACCCATTGTTCCGTCCTGAATAACAGCATTAACCTAAGTGTATAGGTGGACAGTCTCCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5866_L1_Tile_rc|1
TGTGTCAACCATTTGTTCCGTCCTGAATAACAGCATTAACCTAAGTGTATAGGTGGACAGTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5901_L1_Tile_rc|1
TGCAAAAAGTTCTTAAAATTTGCTGCCCCAAAACCTGTGTCACCCATTGTTCCGTCCTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5926_L1_Tile_rc|1
ATCCAGAGGAACACCTGCTTTGTCTTGCAAAAAGTTCTTAAAATTTGCTGCCCCAAAACC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5941_L1_Tile_rc|1
TATATCATTAATAATATCCAGAGGAACCTGCTTTGTCTTGCAAAAAGTTCTTAAAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5986_L1_Tile_rc|1
GCCATAAACATCTTTGTCCATTTTAAGGAAGTCTGGATACATACATATATCATTAATAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5991_L1_Tile_rc|1
TTATCGCCATAAACATCTTTGTCCATTTTAAGGAAGTCTGGATACATACATATATCATTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6011_L1_Tile_rc|1
GTTTTCCAAAAAAGAAACATTTATCGCCATAAACATCTTTGTCCATTTTAAGGAAGTCTG

>HPV88_Gamma_167600365_nt6016_L1_Tile_rc|1
CTCACGTTTTCCAAAAAGAAACATTTATCGCCATAAACATCTTTGTCCATTTTAAGGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6031_L1_Tile_rc|1
GCGAGCATACGACTGCTCACGTTTTCCAAAAAGAAACATTTATCGCCATAAACATCTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6041_L1_Tile_rc|1
CCATAAAATGGCGAGCATACGACTGCTCACGTTTTCCAAAAAGAAACATTTATCGCCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6051_L1_Tile_rc|1
CCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATACGACTGCTCACGTTTTCCAAAAAGAAACAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6056_L1_Tile_rc|1
TTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATACGACTGCTCACGTTTTCCAAAAAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6066_L1_Tile_rc|1
GCATCTCCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATACGACTGCTCACGTTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6071_L1_Tile_rc|1
GTATGGCATCTCCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATACGACTGCTCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6076_L1_Tile_rc|1
CTCTGGTATGGCATCTCCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATACGACTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6081_L1_Tile_rc|1
TTTCCCTCTGGTATGGCATCTCCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6086_L1_Tile_rc|1
ATTTATTTCCCTCTGGTATGGCATCTCCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6091_L1_Tile_rc|1
TAAGTATTTATTTCCCTCTGGTATGGCATCTCCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6096_L1_Tile_rc|1
GGCAATAAGTATTTATTTCCCTCTGGTATGGCATCTCCCATTTTACCTTCACGAGCCATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6106_L1_Tile_rc|1
ATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTCTGGTATGGCATCTCCCATTTTACCTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6116_L1_Tile_rc|1
AATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTCTGGTATGGCATCTCCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6121_L1_Tile_rc|1
TTTAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTCTGGTATGGCATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6126_L1_Tile_rc|1
CCCATTTTAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTCTGGTATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6131_L1_Tile_rc|1
GAGATCCCATTTTAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6136_L1_Tile_rc|1
AACATGAGATCCCATTTTAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6141_L1_Tile_rc|1
AAATAAACATGAGATCCCATTTTAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6161_L1_Tile_rc|1
GTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAATTCACAGCATTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6166_L1_Tile_rc|1
AGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAATTCACAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6171_L1_Tile_rc|1
CTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAATTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6176_L1_Tile_rc|1
AATCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6181_L1_Tile_rc|1
GTTAGAATCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6186_L1_Tile_rc|1
AATAAGTTAGAATCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6196_L1_Tile_rc|1
AGGTCTGTTAAATAAGTTAGAATCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6201_L1_Tile_rc|1
CAATAAGGTCTGTTAAATAAGTTAGAATCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6211_L1_Tile_rc|1

TCTCTGTAGCCAATAAGGTCTGTAAATAAGTTAGAATCACTAGTAGTAAGTGATCCACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6221_L1_Tile_rc|1
CACCTAAAGATCTCTGTAGCCAATAAGGTCTGTAAATAAGTTAGAATCACTAGTAGTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6316_L1_Tile_rc|1
TCCCTGATTATAAATGGAAAGAGTAAAATTAGTATTCCTGCTGTTATCAAGAACAGTAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6321_L1_Tile_rc|1
GCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAAGAGTAAAATTAGTATTCCTGCTGTTATCAAGAACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6326_L1_Tile_rc|1
CAATAGCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAAAGAGTAAAATTAGTATTCCTGCTGTTATCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6336_L1_Tile_rc|1
TACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAAGAGTAAAATTAGTATTCCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6341_L1_Tile_rc|1
AAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAAGAGTAAAATTAGTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6346_L1_Tile_rc|1
TTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAAGAGTAAAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6351_L1_Tile_rc|1
TGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAAGAGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6356_L1_Tile_rc|1
AATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6361_L1_Tile_rc|1
AGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6366_L1_Tile_rc|1
TACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6371_L1_Tile_rc|1
GAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6376_L1_Tile_rc|1
ATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6381_L1_Tile_rc|1
TCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6386_L1_Tile_rc|1
ATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6391_L1_Tile_rc|1
TTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6396_L1_Tile_rc|1
TCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6401_L1_Tile_rc|1
TAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6406_L1_Tile_rc|1
GAATATAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6411_L1_Tile_rc|1
AGCTGGAATATAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6421_L1_Tile_rc|1
AACTCTACAAAGCTGGAATATAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6426_L1_Tile_rc|1
AAAGGAACCTCTACAAAGCTGGAATATAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6431_L1_Tile_rc|1
GCTCCAAAGGAACCTCTACAAAGCTGGAATATAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6451_L1_Tile_rc|1
TAAGTGAGCTAAAATATCAGGCTCCAAAGGAACCTCTACAAAGCTGGAATATAGCTTCCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6456_L1_Tile_rc|1
ACATTTAAGTGAGCTAAAATATCAGGCTCCAAAGGAACCTCTACAAAGCTGGAATATAGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6566_L1_Tile_rc|1
TAGGACATCTTGTGGCCAAAGATGTTATATATCTATAATTGTCCTCTATACTCTGAGGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6571_L1_Tile_rc|1
TTCAGTAGGACATCTTGTGGCCAAAGATGTTATATATCTATAATTGTCCTCTATACTCTG

>HPV88_Gamma_167600365_nt6576_L1_Tile_rc|1
GGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTGCCAAAGATGTTATATATCTATAATTGTCCTCTATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6581_L1_Tile_rc|1
GAGCAGGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTGCCAAAGATGTTATATATCTATAATTGTCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6596_L1_Tile_rc|1
GGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTGCCAAAGATGTTATAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6601_L1_Tile_rc|1
ATAAGGGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTGCCAAAGATGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6606_L1_Tile_rc|1
TCTTTATAAGGGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTGCCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6611_L1_Tile_rc|1
TATAATCTTTATAAGGGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6621_L1_Tile_rc|1
AACCAGGATTTCTGGAGCAGGATTTTCAGTAGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6626_L1_Tile_rc|1
CAACTAACCAAAAATTATAATCTTTATAAGGGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATTTTCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6631_L1_Tile_rc|1
CAAATCAACTAACCAAAAATTATAATCTTTATAAGGGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6641_L1_Tile_rc|1
ACTTCTCTTGCAAATCAACTAACCAAAAATTATAATCTTTATAAGGGTCAGGTATTTCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6646_L1_Tile_rc|1
GGAGAACTTCTCTTGCAAATCAACTAACCAAAAATTATAATCTTTATAAGGGTCAGGTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6651_L1_Tile_rc|1
TCACTGGAGAACTTCTCTTGCAAATCAACTAACCAAAAATTATAATCTTTATAAGGGTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6656_L1_Tile_rc|1
CAAGTTCCTGGAAGTCTCTTGCAAATCAACTAACCAAAAATTATAATCTTTATAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6661_L1_Tile_rc|1
TTGGTCAAGTTCCTGGAAGTCTCTTGCAAATCAACTAACCAAAAATTATAATCTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6666_L1_Tile_rc|1
CTAAATTGGTCAAGTTCCTGGAAGTCTCTTGCAAATCAACTAACCAAAAATTATAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6676_L1_Tile_rc|1
GCGACCTAAGCTAAATTGGTCAAGTTCCTGGAAGTCTCTTGCAAATCAACTAACCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6681_L1_Tile_rc|1
AATTTGCGACCTAAGCTAAATTGGTCAAGTTCCTGGAAGTCTCTTGCAAATCAACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6686_L1_Tile_rc|1
ACAAAAATTTGCGACCTAAGCTAAATTGGTCAAGTTCCTGGAAGTCTCTTGCAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6691_L1_Tile_rc|1
TTGAAACAAAAATTTGCGACCTAAGCTAAATTGGTCAAGTTCCTGGAAGTCTCTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6731_L1_Tile_rc|1
TGGCAACTGTCCTGACACGTTTTGTGGGCAGCAAACCACTTTGAAACAAAAATTTGCGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6736_L1_Tile_rc|1
ACTATTGGCAACTGTCCTGACACGTTTTGTGGGCAGCAAACCACTTTGAAACAAAAATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6761_L1_Tile_rc|1
CTGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGACACGTTTTGTGGGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6766_L1_Tile_rc|1
TTTTACTGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGACACGTTTTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6771_L1_Tile_rc|1
TTTCTTTTACTGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGACACGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6776_L1_Tile_rc|1
TTCGTTTTCTTTTACTGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6784_L1_Tile_rc|1
TTATCGTGTTCGTTTTCTTTTACTGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5808_L1_Tile_rc|1
CTCCATAATAGTACAGGTTGGTACGCTGGACATAGCGGTCCGTACTTAAACTTTGGACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5853_L1_Tile_rc|1

GTACAGTATAATAAGGGTGGCCAACTGTAATAAGGCGGGAGCTGCCTCCATAATAGTACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5868_L1_Tile_rc|1
TAGCACCATTGACCTGTACAGTATAATAAGGGTGGCCAACTGTAATAAGGCGGGAGCTGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5873_L1_Tile_rc|1
TTTGTTAGCACCATTGACCTGTACAGTATAATAAGGGTGGCCAACTGTAATAAGGCGGGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5883_L1_Tile_rc|1
TGTTGGCCTTTTTGTTAGCACCATTGACCTGTACAGTATAATAAGGGTGGCCAACTGTAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5888_L1_Tile_rc|1
AGGTATGTTGGCCTTTTTGTTAGCACCATTGACCTGTACAGTATAATAAGGGTGGCCAAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5898_L1_Tile_rc|1
CTGATACCTTAGGTATGTTGGCCTTTTTGTTAGCACCATTGACCTGTACAGTATAATAAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6123_L1_Tile_rc|1
TGTC AACATCTGCAGCAACCAATAAGGAAGCATTTTCAGTGT CATCCAAACGGTTGTATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6138_L1_Tile_rc|1
ATATATTATCCCTACTGTCAACATCTGCAGCAACCAATAAGGAAGCATTTTCAGTGT CAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6143_L1_Tile_rc|1
AACAGATATATTATCCCTACTGTCAACATCTGCAGCAACCAATAAGGAAGCATTTTCAGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6153_L1_Tile_rc|1
GTTTATAGTCAACAGATATATTATCCCTACTGTCAACATCTGCAGCAACCAATAAGGAAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6158_L1_Tile_rc|1
TGTTTGTTTATAGTCAACAGATATATTATCCCTACTGTCAACATCTGCAGCAACCAATAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6273_L1_Tile_rc|1
TATTTAGCAACTGCAAAGGTGGGCAATCCCCCTGCTGAGGCACAACACTAGAGCACACAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6278_L1_Tile_rc|1
AGTAGTATTTAGCAACTGCAAAGGTGGGCAATCCCCCTGCTGAGGCACAACACTAGAGCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6538_L1_Tile_rc|1
GCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTCCTCACCCATAACACCCCTGCCTATTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6548_L1_Tile_rc|1
GTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTCCTCACCCATAACACC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6553_L1_Tile_rc|1
TTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTCCTCACCCATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6558_L1_Tile_rc|1
GTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTCCTCAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6563_L1_Tile_rc|1
AGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6568_L1_Tile_rc|1
TAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6573_L1_Tile_rc|1
ATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6578_L1_Tile_rc|1
GGCATATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATATACAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6583_L1_Tile_rc|1
GTTGGGGCATATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6598_L1_Tile_rc|1
ATAGACCCACTGGGCGTTGGGGCATATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6603_L1_Tile_rc|1
TAACCATAGACCCACTGGGCGTTGGGGCATATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6608_L1_Tile_rc|1
AGATGTAACCATAGACCCACTGGGCGTTGGGGCATATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6778_L1_Tile_rc|1
AAGCGTGTAAGTGTATTTCTGTGCCAGACTGGGAAGCAGCACAAATGGTAAGGTTGGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6783_L1_Tile_rc|1
CCTTAAAGCGTGTAAGTGTATTTCTGTGCCAGACTGGGAAGCAGCACAAATGGTAAGGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6788_L1_Tile_rc|1
ATATTCCTTAAAGCGTGTAAGTGTATTTCTGTGCCAGACTGGGAAGCAGCACAAATGGT

>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6793_L1_Tile_rc|1
CTTAAATATTCCCTTAAAGCGTGTAGAACTGTATTCTGTGCCAGACTGGGAAGCAGCACAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6798_L1_Tile_rc|1
TGTGTCTTAAATATTCCCTTAAAGCGTGTAGAACTGTATTCTGTGCCAGACTGGGAAGCAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6858_L1_Tile_rc|1
TCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTTGGAATATAAACTGTAGGTCATATTCCTCAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6863_L1_Tile_rc|1
CATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTTGGAATATAAACTGTAGGTCATATTC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6873_L1_Tile_rc|1
GTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTTGGAATATAAACTGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6878_L1_Tile_rc|1
ATTGTGTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTTGGAATATAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6883_L1_Tile_rc|1
TTCATATTGTGTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTTGGAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6888_L1_Tile_rc|1
TGTCATTCATATTGTGTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6893_L1_Tile_rc|1
CAATGTGTCAATTCATATTGTGTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6898_L1_Tile_rc|1
TCTAACAATGTGTCAATTCATATTGTGTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6903_L1_Tile_rc|1
ATTCATCTAACAATGTGTCAATTCATATTGTGTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7198_L1_Tile_rc|1
TTGGCCTTTTTGCGTTTTGGGGGCTTTGGAGGTAGACACGGGGGCAGCACGCTTGCGAGGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5908_L1_Tile_rc|1
TTTTTCTTGATTGCTTTTTTGATAGCAAAATAAGGATGGCCAACAGTTAACAGTCGGGAAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6258_L1_Tile_rc|1
TGGGGTACCCTTTGCCCAGTGCTCGCCTAAAGGAGGTTTGCACCCTATAATAAATAGCTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6263_L1_Tile_rc|1
TTGCATGGGGTACCCTTTGCCCAGTGCTCGCCTAAAGGAGGTTTGCACCCTATAATAAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6273_L1_Tile_rc|1
ATTAGACATATTGCATGGGGTACCCTTTGCCCAGTGCTCGCCTAAAGGAGGTTTGCACCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6278_L1_Tile_rc|1
TGTACATTAGACATATTGCATGGGGTACCCTTTGCCCAGTGCTCGCCTAAAGGAGGTTTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6283_L1_Tile_rc|1
CAGCCTGTACATTAGACATATTGCATGGGGTACCCTTTGCCCAGTGCTCGCCTAAAGGAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6308_L1_Tile_rc|1
TTAAGTTCTATAGGAGGGCAATCCCCAGCCTGTACATTAGACATATTGCATGGGGTACCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6313_L1_Tile_rc|1
AAGATTTAAGTTCTATAGGAGGGCAATCCCCAGCCTGTACATTAGACATATTGCATGGGG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6523_L1_Tile_rc|1
TGTTATAAAAAGTGCCTTATAAACATCTGTTCCCTACGTAAACAGAAAAACATAAGGTCAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6548_L1_Tile_rc|1
ATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCTGTTATAAAAAGTGCCTTATAAACATCTGTTCCCTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6558_L1_Tile_rc|1
GCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCTGTTATAAAAAGTGCCTTATAAACAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6563_L1_Tile_rc|1
ACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCTGTTATAAAAAGTGCCTTATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6568_L1_Tile_rc|1
TTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCTGTTATAAAAAGTGCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6573_L1_Tile_rc|1
TCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCTGTTATAAAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6578_L1_Tile_rc|1
GATGTTCCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCTGTTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6583_L1_Tile_rc|1

TAGAAGATGTTCCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6593_L1_Tile_rc|1
CCACGAGAGGTAGAAGATGTTCCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6603_L1_Tile_rc|1
TGTAGGAGTGCCACGAGAGGTAGAAGATGTTCCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7058_L1_Tile_rc|1
TCCTTGTTCTCTGTAGGGACAGCAGAAGGTTTTTGACAGGAAATAGCCTGGGACTGTAGG
>HPV90_Alpha_22138122_nt7148_L1_Tile_rc|1
AAAAATTTCCCTGCCAAGAGGGAATTGGTCTAGCTCAAGGGAAAAACGTTTCAGACAAATCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7173_L1_Tile_rc|1
CCGTACCCGGGTGCCACGCTGCAGCAAAAATTTCCCTGCCAAGAGGGAATTGGTCTAGCTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7178_L1_Tile_rc|1
GACGACCGTACCCGGGTGCCACGCTGCAGCAAAAATTTCCCTGCCAAGAGGGAATTGGTCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt7251_L1_Tile_rc|1
TTAGGAACGTTTGGACCGTTTACGTTTTGTAGAGGGGCGGTAGAGGGTGCGGGACGCTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5596_L1_Tile_rc|1
TGTTAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGACACATTGGTGTGGTATGAGGTACAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5601_L1_Tile_rc|1
TGTAAGTGTAAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGACACATTGGTGTGGTATGAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5606_L1_Tile_rc|1
GGGACTGTAGTGTTAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGACACATTGGTGTGGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5611_L1_Tile_rc|1
CAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGACACATTGGTGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5616_L1_Tile_rc|1
TGTTGCAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGACACATT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5621_L1_Tile_rc|1
GGTACTGTTGCAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5626_L1_Tile_rc|1
TATCAGGTACTGTTGCAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5631_L1_Tile_rc|1
ATATATATCAGGTACTGTTGCAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAATTTTTGTTGTGTTAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5646_L1_Tile_rc|1
AGGTCCTGCTTGTGTATATATATCAGGTACTGTTGCAAGTGGGACTGTAGTGTTAACAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5651_L1_Tile_rc|1
ATATCAGGTCTGCTTGTGTATATATATCAGGTACTGTTGCAAGTGGGACTGTAGTGTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5656_L1_Tile_rc|1
ATGTAATATCAGGTCCTGCTTGTGTATATATATCAGGTACTGTTGCAAGTGGGACTGTAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5666_L1_Tile_rc|1
ACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCTTGTGTATATATATCAGGTACTGTTGCAAGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5676_L1_Tile_rc|1
ACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCTTGTGTATATATATCAGGTAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5681_L1_Tile_rc|1
GGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCTTGTGTATATATATCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5691_L1_Tile_rc|1
TGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCTTGTGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5696_L1_Tile_rc|1
GACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGTCCTGCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5706_L1_Tile_rc|1
AACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5711_L1_Tile_rc|1
GGTGTAACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5716_L1_Tile_rc|1
CAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5726_L1_Tile_rc|1
ATTGATACTGCAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGC

>HPV91_Alpha_22023568_nt5731_L1_Tile_rc|1
CATATATTGATACTGCAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5736_L1_Tile_rc|1
TGTGCCATATATTGATACTGCAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5751_L1_Tile_rc|1
ATGTAAATAAAAAATCTGTGCCATATATTGATACTGCAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5761_L1_Tile_rc|1
ACAATGAAGGATGTAAATAAAAAATCTGTGCCATATATTGATACTGCAGAAGGTGTAACAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5971_L1_Tile_rc|1
ATTTTTTTATAGGAAAAAAAGGGTGGCCACAGCCAGTAAACGGGAACTGCCAGCATGGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5976_L1_Tile_rc|1
GAATTATTTTTTATAGGAAAAAAAGGGTGGCCACAGCCAGTAAACGGGAACTGCCAGCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5981_L1_Tile_rc|1
TACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAAGGGTGGCCACAGCCAGTAAACGGGAACTGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5986_L1_Tile_rc|1
TACTTTACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAAGGGTGGCCACAGCCAGTAAACGGGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5991_L1_Tile_rc|1
ACAATTACTTTACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAAGGGTGGCCACAGCCAGTAAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6006_L1_Tile_rc|1
CCTGAAACTTTAGGAACAATTACTTTACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAAGGGTGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6011_L1_Tile_rc|1
GGTGACCTGAAACTTTAGGAACAATTACTTTACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6561_L1_Tile_rc|1
CTACGTAAAAAGAAAAATAAACTATTTCCGTATGGCTCGGCTGCCATTTCCTAAATAATCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6651_L1_Tile_rc|1
TTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAATCCTTAGGGACAGCATCGCCTGTAGTACCAGCCCTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6666_L1_Tile_rc|1
GCTATGTTCCGCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAATCCTTAGGGACAGCATCGCCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6671_L1_Tile_rc|1
TGCCTGCTATGTTCCGCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAATCCTTAGGGACAGCAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6676_L1_Tile_rc|1
TATACTGCCTGCTATGTTCCGCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAATCCTTAGGGAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6681_L1_Tile_rc|1
TAATATATACTGCCTGCTATGTTCCGCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAATCCTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6686_L1_Tile_rc|1
TAGAATAATATATACTGCCTGCTATGTTCCGCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6691_L1_Tile_rc|1
AGGAGTAGAATAATATATACTGCCTGCTATGTTCCGCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6791_L1_Tile_rc|1
CCTGGTTACCAAAACAGATGCCGTTATTATGCCCTGTGCTTTTTGCATCCAAAGCGGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6826_L1_Tile_rc|1
AGTGCTGCGAGTTGTATCCACAACAGTTACAAACACCTGGTTACCAAAACAGATGCCGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6851_L1_Tile_rc|1
CAGTGATGCACACAAGGTTAAGTTAGTGCTGCGAGTTGTATCCACAACAGTTACAAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6861_L1_Tile_rc|1
AGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTTAAGTTAGTGCTGCGAGTTGTATCCACAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6866_L1_Tile_rc|1
TAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTTAAGTTAGTGCTGCGAGTTGTATCCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6871_L1_Tile_rc|1
TGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTTAAGTTAGTGCTGCGAGTTGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6881_L1_Tile_rc|1
TGTTGTGCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTTAAGTTAGTGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6886_L1_Tile_rc|1
CTTTGTGTTGTGCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTTAAGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6891_L1_Tile_rc|1

TTGAACTTTGTGTTGTCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6896_L1_Tile_rc|1
ATTCTTTGAACTTTGTGTTGTCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGCACACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6901_L1_Tile_rc|1
TAAATATTCTTTGAACTTTGTGTTGTCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6906_L1_Tile_rc|1
TGCCTTAAATATTCTTTGAACTTTGTGTTGTCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6911_L1_Tile_rc|1
CTGCATGCCCTTAAATATTCTTTGAACTTTGTGTTGTCATATGTAGTAGGTAGCACAGACT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6986_L1_Tile_rc|1
TGTGGATGTATGTCATTACCTCTGGATTAAGTGTTATAATGCATAATTGAAATATAAACT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7001_L1_Tile_rc|1
ATGATGCATCCATAGTGTGGATGTATGTCATTACCTCTGGATTAAGTGTTATAATGCATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7006_L1_Tile_rc|1
TAATAATGATGCATCCATAGTGTGGATGTATGTCATTACCTCTGGATTAAGTGTTATAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7011_L1_Tile_rc|1
TCTTCTAATAATGATGCATCCATAGTGTGGATGTATGTCATTACCTCTGGATTAAGTGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7026_L1_Tile_rc|1
ACCCCAAAGTTCAGTCTTCTAATAATGATGCATCCATAGTGTGGATGTATGTCATTACC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7051_L1_Tile_rc|1
TAGTGATGCCGTGGCTGGAGGGGATACCCCAAAGTTCAGTCTTCTAATAATGATGCATC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7076_L1_Tile_rc|1
TAGCCAAAAAGCGATAAGTATCCTCTAGTGATGCCGTGGCTGGAGGGGATACCCCAAAGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7081_L1_Tile_rc|1
CTTATTAGCCAAAAAGCGATAAGTATCCTCTAGTGATGCCGTGGCTGGAGGGGATACCCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7086_L1_Tile_rc|1
ATTGCCTTATTAGCCAAAAAGCGATAAGTATCCTCTAGTGATGCCGTGGCTGGAGGGGAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7131_L1_Tile_rc|1
TATGGGTCTCTTTGGCTTTTGGTGGGACATTTTTTTTGACAGGCAATTGCCTTATTAGCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7136_L1_Tile_rc|1
TTTTGTATGGGTCTCTTTGGCTTTTGGTGGGACATTTTTTTTGACAGGCAATTGCCTTAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7141_L1_Tile_rc|1
ATAGTTTTTTGTATGGGTCTCTTTGGCTTTTGGTGGGACATTTTTTTTGACAGGCAATTGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7146_L1_Tile_rc|1
AAAGTATAGTTTTTTGTATGGGTCTCTTTGGCTTTTGGTGGGACATTTTTTTTGACAGGCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7166_L1_Tile_rc|1
CGGTAAGATCCACATCCCAAAAAGTATAGTTTTTTGTATGGGTCTCTTTGGCTTTTGGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7171_L1_Tile_rc|1
CCTTTTCGGTAAGATCCACATCCCAAAAAGTATAGTTTTTTGTATGGGTCTCTTTGGCTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7316_L1_Tile_rc|1
GCTTAGTTTTCTTTCGTTTGGAGGCAGGCGCTGAACTGGAGGATGGTGCTGCACGCTTCC
>HPV92_Beta_27531786_nt5719_L1_Tile_rc|1
CCAAGTGTGAGGCGATCACTATTTGCATGATAAAAGATGTTGGTCTTTGAACAAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt5729_L1_Tile_rc|1
ATAAGGGTGTCCAAGTGTGAGGCGATCACTATTTGCATGATAAAAGATGTTGGTCTCT
>HPV92_Beta_27531786_nt5754_L1_Tile_rc|1
GATCAAGTGTGAGCTTCTCACTTCAAAATAAGGGTGTCCAAGTGTGAGGCGATCACTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt5759_L1_Tile_rc|1
ATGTGGATCAAGTGTGAGCTTCTCACTTCAAAATAAGGGTGTCCAAGTGTGAGGCGATC
>HPV92_Beta_27531786_nt5764_L1_Tile_rc|1
ACATCATGTGGATCAAGTGTGAGCTTCTCACTTCAAAATAAGGGTGTCCAAGTGTGAGGCG
>HPV92_Beta_27531786_nt5769_L1_Tile_rc|1
CTAATACATCATGTGGATCAAGTGTGAGCTTCTCACTTCAAAATAAGGGTGTCCAAGTGTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt5774_L1_Tile_rc|1
AGGCACTAATACATCATGTGGATCAAGTGTGAGCTTCTCACTTCAAAATAAGGGTGTCCAAC

>HPV92_Beta_27531786_nt5779_L1_Tile_rc|1
ACCTTAGGCACTAATACATCATGTGGATCAACTGAGCTTCTCACTTCAAAATAAGGGTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt5799_L1_Tile_rc|1
CTCTAAACTGATTCCCTGACACCTTAGGCACTAATACATCATGTGGATCAACTGAGCTTC
>HPV92_Beta_27531786_nt6034_L1_Tile_rc|1
GGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGTTCATCCTTTGTTCCAGTATTGTACTTATTTGGATTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6039_L1_Tile_rc|1
GCTTTGGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGTTCATCCTTTGTTCCAGTATTGTACTTATTTG
>HPV92_Beta_27531786_nt6044_L1_Tile_rc|1
AATTTGCTTTGGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGTTCATCCTTTGTTCCAGTATTGTACTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6049_L1_Tile_rc|1
AACTGAATTTGCTTTGGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGTTCATCCTTTGTTCCAGTATTG
>HPV92_Beta_27531786_nt6059_L1_Tile_rc|1
TAAACAAATAACTGAATTTGCTTTGGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGTTCATCCTTTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6064_L1_Tile_rc|1
CATCCTAAACAAATAACTGAATTTGCTTTGGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGTTCATCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6069_L1_Tile_rc|1
GTGTACATCCTAAACAAATAACTGAATTTGCTTTGGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6084_L1_Tile_rc|1
GTTACCTAAGCATGGTGTACATCCTAAACAAATAACTGAATTTGCTTTGGATCAAAAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6119_L1_Tile_rc|1
TTGCTTTTCAGCACATGGTAAGGCTGTGTCCCAATGTTACCTAAGCATGGTGTACATCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6139_L1_Tile_rc|1
GGGCATCCCCAGTATCTGGTTGCTTTTCAGCACATGGTAAGGCTGTGTCCCAATGTTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6154_L1_Tile_rc|1
TTTAACTCTAATGGTGGGCATCCCCAGTATCTGGTTGCTTTTCAGCACATGGTAAGGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt6159_L1_Tile_rc|1
TGTTTTTTTAACTCTAATGGTGGGCATCCCCAGTATCTGGTTGCTTTTCAGCACATGGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6164_L1_Tile_rc|1
AACAGTGTTTTTTAACTCTAATGGTGGGCATCCCCAGTATCTGGTTGCTTTTCAGCACA
>HPV92_Beta_27531786_nt6169_L1_Tile_rc|1
GAGATAACAGTGTTTTTTTAACTCTAATGGTGGGCATCCCCAGTATCTGGTTGCTTTTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6174_L1_Tile_rc|1
CATCAGAGATAACAGTGTTTTTTTAACTCTAATGGTGGGCATCCCCAGTATCTGGTTGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt6179_L1_Tile_rc|1
ATCTCCATCAGAGATAACAGTGTTTTTTTAACTCTAATGGTGGGCATCCCCAGTATCTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6224_L1_Tile_rc|1
TGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTATGTCAACCATATCTCCATCAGAGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6229_L1_Tile_rc|1
GTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTATGTCAACCATATCTCCATCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6234_L1_Tile_rc|1
ATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTATGTCAACCATATCTC
>HPV92_Beta_27531786_nt6239_L1_Tile_rc|1
GTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTATGTCAACCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6244_L1_Tile_rc|1
CTTACGTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTATGTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6249_L1_Tile_rc|1
CCAACTTACGTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6254_L1_Tile_rc|1
TATATCCAACTTACGTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6259_L1_Tile_rc|1
TCTACTATATCCAACTTACGTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6264_L1_Tile_rc|1
TGGAGTCTACTATATCCAACTTACGTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTC
>HPV92_Beta_27531786_nt6394_L1_Tile_rc|1

ATGGTATCACCCACAACACCACCGCGCACAAACATATGCCTAACATAACATTGTTCTCGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6399_L1_Tile_rc|1
CTGGGATGGTATCACCCACAACACCACCGCGCACAAACATATGCCTAACATAACATTGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6439_L1_Tile_rc|1
GCAGGTAACATAAAGTTATGGTCTTCATTTACAACCTGCATCTGGGATGGTATCACCCACA
>HPV92_Beta_27531786_nt6454_L1_Tile_rc|1
TGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACATAAAGTTATGGTCTTCATTTACAACCTGCATCTGGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6459_L1_Tile_rc|1
TAGACTGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACATAAAGTTATGGTCTTCATTTACAACCTGCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6469_L1_Tile_rc|1
ATTTGACTTCTAGACTGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACATAAAGTTATGGTCTTCATTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6474_L1_Tile_rc|1
TGGCAATTTGACTTCTAGACTGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACATAAAGTTATGGTCTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6479_L1_Tile_rc|1
AGAACTGGCAATTTGACTTCTAGACTGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACATAAAGTTATG
>HPV92_Beta_27531786_nt6489_L1_Tile_rc|1
GGAAATAGATAGAAGCTGGCAATTTGACTTCTAGACTGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACA
>HPV92_Beta_27531786_nt6499_L1_Tile_rc|1
CTAACAGTAGGGAAATAGATAGAAGCTGGCAATTTGACTTCTAGACTGGTCACTGGATGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt6644_L1_Tile_rc|1
AATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTATTATCACAACTGTCAGAAACAGTTCATTACTCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6649_L1_Tile_rc|1
ACACTAATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTATTATCACAACTGTCAGAAACAGTTCATTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6654_L1_Tile_rc|1
TAGGGACACTAATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTATTATCACAACTGTCAGAAACAGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6659_L1_Tile_rc|1
TTCCTTAGGGACACTAATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTATTATCACAACTGTCAGAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6664_L1_Tile_rc|1
CCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTATTATCACAACTGTC
>HPV92_Beta_27531786_nt6669_L1_Tile_rc|1
TTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTATTATCACAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6674_L1_Tile_rc|1
GGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTATTATC
>HPV92_Beta_27531786_nt6679_L1_Tile_rc|1
TAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAAGTTAGTATTCTCGGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6684_L1_Tile_rc|1
AATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAAGTTAGTATTCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6689_L1_Tile_rc|1
TTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAAGTTAGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6694_L1_Tile_rc|1
ATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6699_L1_Tile_rc|1
CTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6704_L1_Tile_rc|1
GTATTCTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACT
>HPV92_Beta_27531786_nt6709_L1_Tile_rc|1
CTAGTGTATTCTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGG
>HPV92_Beta_27531786_nt6719_L1_Tile_rc|1
TTCAACATGTCTAGTGTATTCTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACC
>HPV92_Beta_27531786_nt6724_L1_Tile_rc|1
TATTCTTCAACATGTCTAGTGTATTCTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGA
>HPV92_Beta_27531786_nt6739_L1_Tile_rc|1
ATTAGTGATATTTTCATATTCTTCAACATGTCTAGTGTATTCTCTAATCTTTTGTGAATCA
>HPV92_Beta_27531786_nt6894_L1_Tile_rc|1
GTGTTGCTTTAGAATGAATAAATCTGTATGCATCCTGAATAGGGTTATCTGGAGTAGGAA

>HPV92_Beta_27531786_nt6899_L1_Tile_rc|1
ACAAGGTGTTGCTTTAGAATGAATAAATCTGTATGCATCCTGAATAGGGTTATCTGGAGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6904_L1_Tile_rc|1
TCTGGACAAGGTGTTGCTTTAGAATGAATAAATCTGTATGCATCCTGAATAGGGTTATCT
>HPV92_Beta_27531786_nt7059_L1_Tile_rc|1
GACCATTAACAGATGTATTAGTTAATCCAGCTTGAAATAAAAAATTTTCTACCCAATGAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt7064_L1_Tile_rc|1
TTTAAGACCATTAACAGATGTATTAGTTAATCCAGCTTGAAATAAAAAATTTTCTACCCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7069_L1_Tile_rc|1
GTTCTTTTAAAGACCATTAACAGATGTATTAGTTAATCCAGCTTGAAATAAAAAATTTTCTA
>HPV92_Beta_27531786_nt7074_L1_Tile_rc|1
TTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAACAGATGTATTAGTTAATCCAGCTTGAAATAAAAAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt7084_L1_Tile_rc|1
TGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAACAGATGTATTAGTTAATCCAGCTTGA
>HPV92_Beta_27531786_nt7089_L1_Tile_rc|1
CTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAACAGATGTATTAGTTAATCCAG
>HPV92_Beta_27531786_nt7094_L1_Tile_rc|1
AGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAACAGATGTATTAGTTAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7099_L1_Tile_rc|1
CGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAACAGATGTATTA
>HPV92_Beta_27531786_nt7104_L1_Tile_rc|1
TTTTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAACAGATG
>HPV92_Beta_27531786_nt7109_L1_Tile_rc|1
TTTTCTTTTTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt7114_L1_Tile_rc|1
TTACTTTTTCTTTTTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCA
>HPV92_Beta_27531786_nt7118_L1_Tile_rc|1
TTAGTTACTTTTTCTTTTTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAG
>HPV93_Beta_37089393_nt5771_L1_Tile_rc|1
GTACTTCCAATACTGTTCCATTATTATTGTAAACATTGTAATATGGGTGACCTACTGTTA
>HPV93_Beta_37089393_nt5776_L1_Tile_rc|1
CTTTGGTACTTCCAATACTGTTCCATTATTATTGTAAACATTGTAATATGGGTGACCTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt6016_L1_Tile_rc|1
ATCATCAGTAGAAAATGCCTGAGTTCTGTAATTTAAAGGATTTTCTGTATCATTTACCTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6146_L1_Tile_rc|1
GTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTCCATCACATTTAGGTGCAACATCCCAGTGTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6151_L1_Tile_rc|1
TATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTCCATCACATTTAGGTGCAACATCCCA
>HPV93_Beta_37089393_nt6161_L1_Tile_rc|1
TTACTAATTGTATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTCCATCACATTTAGGTG
>HPV93_Beta_37089393_nt6166_L1_Tile_rc|1
AGTGTTTACTAATTGTATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTCCATCACATTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6176_L1_Tile_rc|1
CTTGAATAACAGTGTTTACTAATTGTATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTC
>HPV93_Beta_37089393_nt6206_L1_Tile_rc|1
TACCATACCCGATATCTGCCATATCCCATCTTGAATAACAGTGTTTACTAATTGTATAG
>HPV93_Beta_37089393_nt6211_L1_Tile_rc|1
AAGATTACCATACCCGATATCTGCCATATCCCATCTTGAATAACAGTGTTTACTAATTG
>HPV93_Beta_37089393_nt6236_L1_Tile_rc|1
TATTTTCCTGCAAAGCCTTAAAATTAAGATTACCATACCCGATATCTGCCATATCCCAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6251_L1_Tile_rc|1
GACTAACATCAGATCTATTTTCCTGCAAAGCCTTAAAATTAAGATTACCATACCCGATAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6256_L1_Tile_rc|1
GTCAAGACTAACATCAGATCTATTTTCCTGCAAAGCCTTAAAATTAAGATTACCATACCC
>HPV93_Beta_37089393_nt6421_L1_Tile_rc|1

TGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTACGTTGCCACCTCTTACAAAAAGTG
>HPV93_Beta_37089393_nt6426_L1_Tile_rc|1
GTGCCTGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTACGTTGCCACCTCTTACAAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt6431_L1_Tile_rc|1
TATATGTGCCTGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTACGTTGCCACCTCTTA
>HPV93_Beta_37089393_nt6436_L1_Tile_rc|1
ATTTTTATATGTGCCTGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTACGTTGCCACC
>HPV93_Beta_37089393_nt6441_L1_Tile_rc|1
AAATCATTTTTATATGTGCCTGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTACGTTG
>HPV93_Beta_37089393_nt6446_L1_Tile_rc|1
TGTA AAAATCATTTTTATATGTGCCTGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTA
>HPV93_Beta_37089393_nt6681_L1_Tile_rc|1
ATTTTCCCAGGGTCTGTATAAACACTAATACTGAAGTTTGTGTTTCTTGTGTTGTCTACA
>HPV93_Beta_37089393_nt6686_L1_Tile_rc|1
CCCTTATTTTCCCAGGGTCTGTATAAACACTAATACTGAAGTTTGTGTTTCTTGTGTTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6691_L1_Tile_rc|1
TATATCCCTTATTTTCCCAGGGTCTGTATAAACACTAATACTGAAGTTTGTGTTTCTTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6696_L1_Tile_rc|1
TCATTTATATCCCTTATTTTCCCAGGGTCTGTATAAACACTAATACTGAAGTTTGTGTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6891_L1_Tile_rc|1
CGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGAGTTGGGACAAACCCTAATTGCCATTCTCT
>HPV93_Beta_37089393_nt6896_L1_Tile_rc|1
TATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGAGTTGGGACAAACCCTAATTGCCATT
>HPV93_Beta_37089393_nt6901_L1_Tile_rc|1
ATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGAGTTGGGACAAACCCTAATTG
>HPV93_Beta_37089393_nt6906_L1_Tile_rc|1
AAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGAGTTGGGACAAACCCT
>HPV93_Beta_37089393_nt6911_L1_Tile_rc|1
TAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGAGTTGGGACAA
>HPV93_Beta_37089393_nt6916_L1_Tile_rc|1
TGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGAGTTGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6921_L1_Tile_rc|1
GGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGA
>HPV93_Beta_37089393_nt6926_L1_Tile_rc|1
TATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6931_L1_Tile_rc|1
AACCTTATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6941_L1_Tile_rc|1
CCTTTGGTGGAACCTTATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt6951_L1_Tile_rc|1
TCTTCCTTTTCTTTGGTGGAACCTTATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATAT
>HPV93_Beta_37089393_nt7066_L1_Tile_rc|1
TGATTGTACAAGATTTGCCTGATACAGAAATTTGCGCCCTAAGGAGTATTGATCTAGATC
>HPV93_Beta_37089393_nt7076_L1_Tile_rc|1
GTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATTTGCCTGATACAGAAATTTGCGCCCTAAGGAGTATT
>HPV93_Beta_37089393_nt7086_L1_Tile_rc|1
GATGATGACCGTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATTTGCCTGATACAGAAATTTGCGCCCT
>HPV93_Beta_37089393_nt7091_L1_Tile_rc|1
AAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATTTGCCTGATACAGAAATTTGC
>HPV93_Beta_37089393_nt7096_L1_Tile_rc|1
TCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATTTGCCTGATACAGAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt7101_L1_Tile_rc|1
GTTCTCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATTTGCCTGATAC
>HPV93_Beta_37089393_nt7111_L1_Tile_rc|1
TTTTCTTTTAGTTCCTCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATT

>HPV93_Beta_37089393_nt7121_L1_Tile_rc|1
ATTTGCTTCTTTTCTTTTCTTTAGTTCCCTCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGATT
>HPV93_Beta_37089393_nt7123_L1_Tile_rc|1
TTATTTGCTTCTTTTCTTTTCTTTAGTTCCCTCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGA
>HPV94_Alpha_40804528_nt6540_L1_Tile_rc|1
TTAGAGTGTCTCAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCTATTGAAAAAATGTCTTGCAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt6545_L1_Tile_rc|1
CAATATTAGAGTGTCTCAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCTATTGAAAAAATGTCT
>HPV94_Alpha_40804528_nt6550_L1_Tile_rc|1
GACTTCAATATTAGAGTGTCTCAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCTATTGAAAAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt6555_L1_Tile_rc|1
CGGCCGACTTCAATATTAGAGTGTCTCAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCTATTGA
>HPV94_Alpha_40804528_nt6575_L1_Tile_rc|1
ACCAACGTTTGGTCTCACCACCGCCGACTTCAATATTAGAGTGTCTCAGGAATGGTGTCTCC
>HPV94_Alpha_40804528_nt7035_L1_Tile_rc|1
GATCTTGCTTTTCTAGTGGGGGTGCCTCCTTCTGACAAGTTATTGCGGAGGACGACAAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5534_L1_Tile_rc|1
AAAGACTCTATATTGACTTCCAGATACCTTTGGAACATAAACTTTCTTAGGTTACCTAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5539_L1_Tile_rc|1
AACCTAAAGACTCTATATTGACTTCCAGATACCTTTGGAACATAAACTTTCTTAGGTTCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5544_L1_Tile_rc|1
ATTGAAACCTAAAGACTCTATATTGACTTCCAGATACCTTTGGAACATAAACTTTCTTAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5579_L1_Tile_rc|1
ATTATCTATCAAAGCAAATCTGTTAGGATCTGGCAATTGAAACCTAAAGACTCTATATTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5624_L1_Tile_rc|1
TCTTAGACGCCATACTAACCTTTTCATGGTCTCAGAGTCATAAAAGCCATTATCTATCAAAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5629_L1_Tile_rc|1
ATTCTCTTAGACGCCATACTAACCTTTTCATGGTCTCAGAGTCATAAAAGCCATTATCTATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5634_L1_Tile_rc|1
TTTCAATTCTCTTAGACGCCATACTAACCTTTTCATGGTCTCAGAGTCATAAAAGCCATTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5654_L1_Tile_rc|1
TAAAGGTCCACCTCGGCCTATTTCAATTCTCTTAGACGCCATACTAACCTTTTCATGGTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5804_L1_Tile_rc|1
AGCTGGAATACAACCAATTATGAACATTTGGGTCTGTTTAGGGTCTAATGAGACATCCTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5839_L1_Tile_rc|1
CTGCATGCCTCAGCTTTATCCCAGTGCTCCCCAATAGCTGGAATACAACCAATTATGAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5844_L1_Tile_rc|1
GTTCTCTGCATGCCTCAGCTTTATCCCAGTGCTCCCCAATAGCTGGAATACAACCAATTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5894_L1_Tile_rc|1
GTATGTGTTTACAAGTTCTATAGGTGGGCAATCACCTTCTGAGGTGCTGGTTCTCTGCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6014_L1_Tile_rc|1
GAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTACCAACTACATCTAATGGTGCCTGGATTTATCATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6019_L1_Tile_rc|1
TTTAAGAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTACCAACTACATCTAATGGTGCCTGGATTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6034_L1_Tile_rc|1
ATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTACCAACTACATCTAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6039_L1_Tile_rc|1
CATAAATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTACCAACTACAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6044_L1_Tile_rc|1
GTCACCATAAATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTACCAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6049_L1_Tile_rc|1
AAACTGTCACCATAAATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6054_L1_Tile_rc|1
AGAATAAACTGTCACCATAAATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGTCAGGCCATTTACACA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6064_L1_Tile_rc|1

CGGCCAAAGAAGAATAAACTGTCACCATAAAATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGTCAGGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6069_L1_Tile_rc|1
CCCTTCGGCCAAAGAAGAATAAACTGTCACCATAAAATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6074_L1_Tile_rc|1
CTGTTCCCTTCGGCCAAAGAAGAATAAACTGTCACCATAAAATGTCCTTACTCATCTTTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6079_L1_Tile_rc|1
TAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAAGAATAAACTGTCACCATAAAATGTCCTTACTCATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6084_L1_Tile_rc|1
TTGCATAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAAGAATAAACTGTCACCATAAAATGTCCTTAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6094_L1_Tile_rc|1
AAAAAGTGTCCTTGCATAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAAGAATAAACTGTCACCATAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6099_L1_Tile_rc|1
TAACAAAAAAGTGTCCTTGCATAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAAGAATAAACTGTCAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6104_L1_Tile_rc|1
AGCTCTAACAAAAAAGTGTCCTTGCATAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAAGAATAAACT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6109_L1_Tile_rc|1
GTCCCAGCTCTAACAAAAAAGTGTCCTTGCATAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAAGAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6149_L1_Tile_rc|1
AGACTTCACTTCAAAAGGCTCTGGTAACGCATCACCCATTGTCCCAGCTCTAACAAAAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6154_L1_Tile_rc|1
TAATCAGACTTCACTTCAAAAGGCTCTGGTAACGCATCACCCATTGTCCCAGCTCTAACAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6159_L1_Tile_rc|1
TTATGTAATCAGACTTCACTTCAAAAGGCTCTGGTAACGCATCACCCATTGTCCCAGCTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6164_L1_Tile_rc|1
AGCAATTATGTAATCAGACTTCACTTCAAAAGGCTCTGGTAACGCATCACCCATTGTCCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6179_L1_Tile_rc|1
TTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACTTCACTTCAAAAGGCTCTGGTAACGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6189_L1_Tile_rc|1
TATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACTTCACTTCAAAAGGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6194_L1_Tile_rc|1
AAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACTTCACTTCAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6199_L1_Tile_rc|1
GGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACTTCACT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6209_L1_Tile_rc|1
ATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6214_L1_Tile_rc|1
CCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6219_L1_Tile_rc|1
GAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6224_L1_Tile_rc|1
GCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6229_L1_Tile_rc|1
GAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6234_L1_Tile_rc|1
CAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6239_L1_Tile_rc|1
TGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6244_L1_Tile_rc|1
TCACTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6249_L1_Tile_rc|1
GAGATTCACTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6259_L1_Tile_rc|1
TTAAAAAGCTGAGATTCACTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6264_L1_Tile_rc|1
GTCGGTTAAAAAGCTGAGATTCACTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAA

>HPV95_Gamma_40804520_nt6269_L1_Tile_rc|1
ATACGGTCGGTTAAAAAGCTGAGATTCACCTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6274_L1_Tile_rc|1
AACCAATACGGTCGGTTAAAAAGCTGAGATTCACCTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6364_L1_Tile_rc|1
GTAAAGTTAGTGTATATGGGTATTATCAACCAGAGTTACAAAAAGCTGATTATCCCAACAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6369_L1_Tile_rc|1
AAATAGTAAAGTTAGTGTATATGGGTATTATCAACCAGAGTTACAAAAAGCTGATTATCCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6374_L1_Tile_rc|1
TACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATATGGGTATTATCAACCAGAGTTACAAAAAGCTGATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6384_L1_Tile_rc|1
CTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATATGGGTATTATCAACCAGAGTTACAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6389_L1_Tile_rc|1
CTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATATGGGTATTATCAACCAGAGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6394_L1_Tile_rc|1
TTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATATGGGTATTATCAACC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6399_L1_Tile_rc|1
AATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATATGGGTATTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6404_L1_Tile_rc|1
TGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATATGGGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6409_L1_Tile_rc|1
TTATATGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6414_L1_Tile_rc|1
TTGCTTTATATGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6419_L1_Tile_rc|1
ATCATTTGCTTTATATGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6424_L1_Tile_rc|1
TTAAAATCATTTGCTTTATATGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6429_L1_Tile_rc|1
ACTGTTTAAAATCATTTGCTTTATATGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6434_L1_Tile_rc|1
TAAATACTGTTTAAAATCATTTGCTTTATATGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6539_L1_Tile_rc|1
TAATATATTTGGGTTTCATGACATTCAAATGAGCCATTACATCTGCTGTAAGAGGCACTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6544_L1_Tile_rc|1
TTATCTAATATATTTGGGTTTCATGACATTCAAATGAGCCATTACATCTGCTGTAAGAGGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6624_L1_Tile_rc|1
AACGAGTAGCTCTGGATGTAATGAATCTGTATTGATCCTCAATACCAGAAGGTGGTGGGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6644_L1_Tile_rc|1
TGGTGGATTTTGAGTTGGACAACGAGTAGCTCTGGATGTAATGAATCTGTATTGATCCTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6649_L1_Tile_rc|1
TCTGCTGGTGGATTTTGAGTTGGACAACGAGTAGCTCTGGATGTAATGAATCTGTATTGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6654_L1_Tile_rc|1
CTCTTTCTGCTGGTGGATTTTGAGTTGGACAACGAGTAGCTCTGGATGTAATGAATCTGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6659_L1_Tile_rc|1
GTCTTCTCTTCTGCTGGTGGATTTTGAGTTGGACAACGAGTAGCTCTGGATGTAATGAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6679_L1_Tile_rc|1
AAGGACAAATCTTTAAAAGGGTCTTCTCTTCTGCTGGTGGATTTTGAGTTGGACAACGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6694_L1_Tile_rc|1
AGATCAACTGTCCAAAAGGACAAATCTTTAAAAGGGTCTTCTCTTCTGCTGGTGGATTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6699_L1_Tile_rc|1
CAGAAAGATCAACTGTCCAAAAGGACAAATCTTTAAAAGGGTCTTCTCTTCTGCTGGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6704_L1_Tile_rc|1
ACGCTCAGAAAGATCAACTGTCCAAAAGGACAAATCTTTAAAAGGGTCTTCTCTTCTGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6709_L1_Tile_rc|1

GAAAAACGCTCAGAAAGATCAACTGTCCAAAAGGACAAATCTTTAAAAGGGTCTTCTCTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6714_L1_Tile_rc|1
CTGAAGAAAAACGCTCAGAAAGATCAACTGTCCAAAAGGACAAATCTTTAAAAGGGTCTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6724_L1_Tile_rc|1
TGGCTTAATTCTGAAGAAAAACGCTCAGAAAGATCAACTGTCCAAAAGGACAAATCTTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6734_L1_Tile_rc|1
TAATGAAAATTGGCTTAATTCTGAAGAAAAACGCTCAGAAAGATCAACTGTCCAAAAGGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6739_L1_Tile_rc|1
CTTCCTAATGAAAATTGGCTTAATTCTGAAGAAAAACGCTCAGAAAGATCAACTGTCCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6749_L1_Tile_rc|1
GAGAAACCGCCTTCCTAATGAAAATTGGCTTAATTCTGAAGAAAAACGCTCAGAAAGATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6784_L1_Tile_rc|1
CTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATAGAGAAACCGCCTTCCTAATGAAAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6789_L1_Tile_rc|1
TTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATAGAGAAACCGCCTTCCTAATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6794_L1_Tile_rc|1
AGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATAGAGAAACCGCCTTCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6799_L1_Tile_rc|1
GTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATAGAGAAACCGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6804_L1_Tile_rc|1
GAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATAGAGAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6809_L1_Tile_rc|1
AGTTTGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6819_L1_Tile_rc|1
TGCCTGTTGCAGTTTGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6829_L1_Tile_rc|1
GAACGTTTTGTGCCTGTTGCAGTTTGAGAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt5987_L1_Tile_rc|1
ACACTTCATGATCTCCATTATTTTTCTCACATCAAATAAGGATGTCTTACTGTTAACA
>HPV96_Beta_50253426_nt5992_L1_Tile_rc|1
AACTAACACTTCATGATCTCCATTATTTTTCTCACATCAAATAAGGATGTCTTACTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt5997_L1_Tile_rc|1
TTGGGAACATAACACTTCATGATCTCCATTATTTTTCTCACATCAAATAAGGATGTCTCT
>HPV96_Beta_50253426_nt6002_L1_Tile_rc|2
ACACCTTGGAACATAACACTTCATGATCTCCATTATTTTTCTCACATCAAATAAGGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6222_L1_Tile_rc|2
CCACCTGTATTATAGCCATTTGGATTTTCCGTGTCTTTCACCTTGTTAAATAATGGATGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6252_L1_Tile_rc|1
TCAAAGGATGTATTCACCCTATCATCTTTCCACCTGTATTATAGCCATTTGGATTTTCC
>HPV96_Beta_50253426_nt6257_L1_Tile_rc|1
TGGGATCAAAGGATGTATTCACCCTATCATCTTTCCACCTGTATTATAGCCATTTGGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6367_L1_Tile_rc|1
TAGAGGTGGACACGCTCCCTGATCAGGAGGATTTTCTACACAAGGTAAGGCCTTGTCCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6377_L1_Tile_rc|1
TTTTTAATTCTAGAGGTGGACACGCTCCCTGATCAGGAGGATTTTCTACACAAGGTAAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt6382_L1_Tile_rc|2
AGTATTTTTTAATTCTAGAGGTGGACACGCTCCCTGATCAGGAGGATTTTCTACACAAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt6387_L1_Tile_rc|1
ATAATAGTATTTTTTAATTCTAGAGGTGGACACGCTCCCTGATCAGGAGGATTTTCTACA
>HPV96_Beta_50253426_nt6487_L1_Tile_rc|1
AATTTTCATTAACAATATCCAGACTAACATCAGACTTAGTGACTGATAATGTTTTAAATTT
>HPV96_Beta_50253426_nt6632_L1_Tile_rc|1
CAACTGCATCATCTGGAATACTGTCTCTACTGACCCACCTCTACAAAACATATGTCTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt6637_L1_Tile_rc|1
TTCTCCAACATGCATCATCTGGAATACTGTCTCTACTGACCCACCTCTACAAAACATATG

>HPV96_Beta_50253426_nt6647_L1_Tile_rc|1
AATGGTTGTCTTCTCCAACCTGCATCATCTGGAATACTGTCTCTCTACTGACCCACCTCTAC
>HPV96_Beta_50253426_nt6662_L1_Tile_rc|2
CAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTCTTCTCCAACCTGCATCATCTGGAATACTGTCTCTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6667_L1_Tile_rc|1
ACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTCTTCTCCAACCTGCATCATCTGGAATACTGTC
>HPV96_Beta_50253426_nt6672_L1_Tile_rc|1
TGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTCTTCTCCAACCTGCATCATCTGGAATA
>HPV96_Beta_50253426_nt6682_L1_Tile_rc|2
ATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTCTTCTCCAACCTGCATC
>HPV96_Beta_50253426_nt6687_L1_Tile_rc|1
ATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTCTTCTCCAACCT
>HPV96_Beta_50253426_nt6692_L1_Tile_rc|1
TTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTCTTCTC
>HPV96_Beta_50253426_nt6697_L1_Tile_rc|1
GGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGGTTGTC
>HPV96_Beta_50253426_nt6702_L1_Tile_rc|2
TAAATGGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAATAATGG
>HPV96_Beta_50253426_nt6707_L1_Tile_rc|1
GAGTGTAATGGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATCACTGGCAGCCTTTAAATAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6727_L1_Tile_rc|1
TAAAGATCCACTGACTGTGGGAGTGTAATGGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTTTGATC
>HPV96_Beta_50253426_nt6732_L1_Tile_rc|1
GAAACTAAAGATCCACTGACTGTGGGAGTGTAATGGAACCTTGCCATTGTATCTCTGTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt6737_L1_Tile_rc|1
CTGTAGAAACTAAAGATCCACTGACTGTGGGAGTGTAATGGAACCTTGCCATTGTATCTC
>HPV96_Beta_50253426_nt6742_L1_Tile_rc|2
TGCATCTGTAGAAACTAAAGATCCACTGACTGTGGGAGTGTAATGGAACCTTGCCATTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6747_L1_Tile_rc|1
ATCTGTGCATCTGTAGAAACTAAAGATCCACTGACTGTGGGAGTGTAATGGAACCTTGCC
>HPV96_Beta_50253426_nt6757_L1_Tile_rc|1
CCTATTGAAAATCTGTGCATCTGTAGAAACTAAAGATCCACTGACTGTGGGAGTGTAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt6777_L1_Tile_rc|1
GCCCTTTGCAGCCAAAAGGCCTATTGAAAATCTGTGCATCTGTAGAAACTAAAGATCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6782_L1_Tile_rc|2
CTTGAGCCCTTTGCAGCCAAAAGGCCTATTGAAAATCTGTGCATCTGTAGAAACTAAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6862_L1_Tile_rc|2
GATACAGAAATTAGTATTCTGGTATTATCTATTACTGTGAGAAAGATTTGATTACCCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt6867_L1_Tile_rc|1
ACACTGATACAGAAATTAGTATTCTGGTATTATCTATTACTGTGAGAAAGATTTGATTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6877_L1_Tile_rc|1
ATTTGAGGAGACACTGATACAGAAATTAGTATTCTGGTATTATCTATTACTGTGAGAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6882_L1_Tile_rc|2
TGATCATTTGAGGAGACACTGATACAGAAATTAGTATTCTGGTATTATCTATTACTGTG
>HPV96_Beta_50253426_nt6887_L1_Tile_rc|1
ATGCCTGATCATTTGAGGAGACACTGATACAGAAATTAGTATTCTGGTATTATCTATTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6892_L1_Tile_rc|1
CTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAGACACTGATACAGAAATTAGTATTCTGGTATTATC
>HPV96_Beta_50253426_nt6897_L1_Tile_rc|1
TATTCTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAGACACTGATACAGAAATTAGTATTCTGGTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6902_L1_Tile_rc|2
TATTGTATTCTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAGACACTGATACAGAAATTAGTATTCC
>HPV96_Beta_50253426_nt6907_L1_Tile_rc|1
TGCAGTATTGTATTCTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAGACACTGATACAGAAATTAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6912_L1_Tile_rc|1

AAGTTTGCAGTATTGTATTCCTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAGACACTGATACAGAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt6917_L1_Tile_rc|1
CTCTAAAGTTTGCAGTATTGTATTCCTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAGACACTGATAC
>HPV96_Beta_50253426_nt6922_L1_Tile_rc|2
ATATTCTCTAAAGTTTGCAGTATTGTATTCCTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAGACACT
>HPV96_Beta_50253426_nt6927_L1_Tile_rc|1
CTCAAATATTCTCTAAAGTTTGCAGTATTGTATTCCTGTAATGCCTGATCATTTGAGGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt6932_L1_Tile_rc|1
CATGTCTCAAAATATTCTCTAAAGTTTGCAGTATTGTATTCCTGTAATGCCTGATCATTTG
>HPV96_Beta_50253426_nt6987_L1_Tile_rc|1
GGCTCTAATGGAACCTTTACATAATTGTAATATAAAGGATAATTCATACTCTTCTACATGT
>HPV96_Beta_50253426_nt6992_L1_Tile_rc|1
CTTCTGGCTCTAATGGAACCTTTACATAATTGTAATATAAAGGATAATTCATACTCTTCTA
>HPV96_Beta_50253426_nt6997_L1_Tile_rc|1
TAATACTTCTGGCTCTAATGGAACCTTTACATAATTGTAATATAAAGGATAATTCATACTC
>HPV96_Beta_50253426_nt7122_L1_Tile_rc|2
TCTGGACACCGTGTGGCTGCTGAATGTATGTATCTATATGTATCATTTGATGGGATTGTCA
>HPV96_Beta_50253426_nt7127_L1_Tile_rc|1
TTTTATCTGGACACCGTGTGGCTGCTGAATGTATGTATCTATATGTATCATTTGATGGGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt7132_L1_Tile_rc|1
TGTAGTTTTATCTGGACACCGTGTGGCTGCTGAATGTATGTATCTATATGTATCATTTGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt7182_L1_Tile_rc|2
TCAACATCCCAAAAGTGATAACCTGCAAAGGGATCTGCTTTTTCTTTAGGTGTAGTTTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt7187_L1_Tile_rc|1
ACAAATCAACATCCCAAAAGTGATAACCTGCAAAGGGATCTGCTTTTTCTTTAGGTGTAG
>HPV96_Beta_50253426_nt7197_L1_Tile_rc|1
AACTTTTCAGACAAATCAACATCCCAAAAGTGATAACCTGCAAAGGGATCTGCTTTTTCT
>HPV96_Beta_50253426_nt7272_L1_Tile_rc|1
TTAACTCTTTTGTTTTGCAGGTTGGCTTGAAATAAGAATTTACGTCCCAGAGAATACTGA
>HPV96_Beta_50253426_nt7292_L1_Tile_rc|1
CGGTTACAGTAACCCCTCTGTAACTCTTTTGTTTTGCAGGTTGGCTTGAAATAAGAATT
>HPV96_Beta_50253426_nt7297_L1_Tile_rc|1
CCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTAACTCTTTTGTTTTGCAGGTTGGCTTGAAATAA
>HPV96_Beta_50253426_nt7302_L1_Tile_rc|2
GTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTAACTCTTTTGTTTTGCAGGTTGGCTTGA
>HPV96_Beta_50253426_nt7317_L1_Tile_rc|1
GTACCTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTAACTCTTTTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt7322_L1_Tile_rc|2
GTTTTGTACCTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCCTCTGTAACTCTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt7336_L1_Tile_rc|1
TCAGCGTCGTTTTCGTTTTGTACCTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGGTTACAGTAACCCC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5612_L1_Tile_rc|1
CCTACTACCTGCACCTTTAGAACTTTAAAATAAGGATTGCCTACAGCTAATAATCTAGA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5617_L1_Tile_rc|1
TCTTGCTACTACCTGCACCTTTAGAACTTTAAAATAAGGATTGCCTACAGCTAATAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5622_L1_Tile_rc|2
GAACATCTTGCTACTACCTGCACCTTTAGAACTTTAAAATAAGGATTGCCTACAGCTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5642_L1_Tile_rc|2
TTGGTAGGCAGATACTTTGGGAACATCTTGCTACTACCTGCACCTTTAGAACTTTAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5647_L1_Tile_rc|1
CTATATTGGTAGGCAGATACTTTGGGAACATCTTGCTACTACCTGCACCTTTAGAACT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5657_L1_Tile_rc|1
CCTAAACACTCTATATTGGTAGGCAGATACTTTGGGAACATCTTGCTACTACCTGCACC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5662_L1_Tile_rc|2
GTTACCCATAACACTCTATATTGGTAGGCAGATACTTTGGGAACATCTTGCTACTACCT

>HPV97_Alpha_71726694_nt5667_L1_Tile_rc|1
GCAAAGTTACCCTAAACACTCTATATTGGTAGGCAGATACTTTGGGAACATCTTGCCTAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5857_L1_Tile_rc|1
TGTGTAACAACAGCTGTAGCAGCATGTGAACCTTTCAGTGTCTAATTTGTTATATAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5982_L1_Tile_rc|2
CTTGCTGTATGTGAGTAGATTTACATGGTGTACCTTTAGCCCAATGTTCCACCAATAGCAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6017_L1_Tile_rc|1
CACTGTATTTTTTAAGCTCTAAAGGAGGACAGTCACCTTGCTGTATGTGAGTAGATTTACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6287_L1_Tile_rc|1
TTCACGCATACCAGTTCCTTTAATATATAAATCCTGTGGAATAGTGTCACCCATTGTTCC
>HPV97_Alpha_71726694_nt6302_L1_Tile_rc|2
AAAACTGCCAGGAGTTTCACGCATACCAGTTCCTTTAATATATAAATCCTGTGGAATAGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6517_L1_Tile_rc|1
TATTTTGTAGGGTCATATGTGGTAGCTACGCCATTTTGTGTAGAAGCACACAGTGTTAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6522_L1_Tile_rc|2
GTTTATATTTTGTAGGGTCATATGTGGTAGCTACGCCATTTTGTGTAGAAGCACACAGTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6712_L1_Tile_rc|1
GCAACAGACTGTACAAAGCGATATGTATCTACTAACTGGTAGTGGGTGGCGGTGGGACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6717_L1_Tile_rc|1
TTATAGCAACAGACTGTACAAAGCGATATGTATCTACTAACTGGTAGTGGGTGGCGGTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt6952_L1_Tile_rc|1
TTACGACGGACACGTAAACGCTTAGCAGGTTTGGGAAGTAGAGGGGCAGACGGGGCAGAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5666_L1_Tile_rc|1
AAATATGTTAGTTCCTTTCTACATATTCATCAGTGCCTTAACACCTTAGCTACTGGAGTTGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6136_L1_Tile_rc|1
TTTTTTCAGTTCATAGGTGGACATTTTCCCTGTTGATCTCCTGCATTTTCACATGGCTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6141_L1_Tile_rc|1
CAGAATTTTTCAGTTCATAGGTGGACATTTTCCCTGTTGATCTCCTGCATTTTCACATG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6166_L1_Tile_rc|1
TCCATCATATCGCCATCTTGAATCACAGAATTTTTCAGTTCATAGGTGGACATTTTCCC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6186_L1_Tile_rc|1
TTATATTTCCAAATCCAATGTCCATCATATCGCCATCTTGAATCACAGAATTTTTCAGTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6236_L1_Tile_rc|1
TACTAAATCTAAGCTAACATCTGATCTATTTCAGGGATAGAGTTTTAAATTTATATTTCC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6241_L1_Tile_rc|1
TCGTCTACTAAATCTAAGCTAACATCTGATCTATTTCAGGGATAGAGTTTTAAATTTATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6246_L1_Tile_rc|1
CAATTTTCGTCTACTAAATCTAAGCTAACATCTGATCTATTTCAGGGATAGAGTTTTAAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6251_L1_Tile_rc|1
TTTAGCAATTTCTGTCTACTAAATCTAAGCTAACATCTGATCTATTTCAGGGATAGAGTTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6391_L1_Tile_rc|1
TTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCAACATTACCTCCTCTGGTAAAATAATGTCTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6396_L1_Tile_rc|1
CTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCAACATTACCTCCTCTGGTAAAATAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6401_L1_Tile_rc|1
ATGATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCAACATTACCTCCTCTGGTAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6406_L1_Tile_rc|1
AATTTATGATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCAACATTACCTCCTCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6416_L1_Tile_rc|1
AGGTAAATAAAATTTATGATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCAACATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6421_L1_Tile_rc|1
TTAGGAGGTAAATAAAATTTATGATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6426_L1_Tile_rc|1
ATGACTTAGGAGGTAAATAAAATTTATGATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6436_L1_Tile_rc|1

TGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAAATTTATGATCTTGATTATTTGCTCCATCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6441_L1_Tile_rc|1
GTGTTTGAAGTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAAATTTATGATCTTGATTATTTGCTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6446_L1_Tile_rc|1
TCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAAATTTATGATCTTGATTATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6451_L1_Tile_rc|1
GAATTTCCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAAATTTATGATCTTGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6456_L1_Tile_rc|1
AAATTGAATTTCCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAAATTTATGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6461_L1_Tile_rc|1
AAAGTAAATTGAATTTCCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAAATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6466_L1_Tile_rc|1
GTAGGAAAGTAAATTGAATTTCCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6471_L1_Tile_rc|1
TAACAGTAGGAAAGTAAATTGAATTTCCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6476_L1_Tile_rc|1
ACCACTAACAGTAGGAAAGTAAATTGAATTTCCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6481_L1_Tile_rc|1
AGAGAACCACTAACAGTAGGAAAGTAAATTGAATTTCCCTAGTGTGTTGACTTTGTGATGAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6491_L1_Tile_rc|1
TGAAGAGACTAGAGAACCCTAACAGTAGGAAAGTAAATTGAATTTCCCTAGTGTGTTGACT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6641_L1_Tile_rc|1
AGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGTGTTTCTAGTGTTATCAGCAAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6646_L1_Tile_rc|1
GTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGTGTTTCTAGTGTTATCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6656_L1_Tile_rc|1
ATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGTGTTTCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6661_L1_Tile_rc|1
CTAGAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6666_L1_Tile_rc|1
ATTTGCTAGAAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6676_L1_Tile_rc|1
AATTCTCTAAATTTGCTAGAAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6681_L1_Tile_rc|1
TTAAAAATTTCTCTAAATTTGCTAGAAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6691_L1_Tile_rc|1
TCCACGTGCCTTAAAAATTTCTCTAAATTTGCTAGAAATCATACTCAGTTATAGCACCATTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6701_L1_Tile_rc|1
TTGATACTCTTCCACGTGCCTTAAAAATTTCTCTAAATTTGCTAGAAATCATACTCAGTTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6706_L1_Tile_rc|1
GATATTTGATACTCTTCCACGTGCCTTAAAAATTTCTCTAAATTTGCTAGAAATCATACTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6711_L1_Tile_rc|1
TTACAGATATTTGATACTCTTCCACGTGCCTTAAAAATTTCTCTAAATTTGCTAGAAATCAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6766_L1_Tile_rc|1
GCATTGATCTGGGCTAGCACATCAGGTTGCAGTGATACTTTACACAGTTGTAATATTACA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6771_L1_Tile_rc|1
TCATTGCATTGATCTGGGCTAGCACATCAGGTTGCAGTGATACTTTACACAGTTGTAATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6786_L1_Tile_rc|1
CTAATATACCTGAATTCATTGCATTGATCTGGGCTAGCACATCAGGTTGCAGTGATACTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6861_L1_Tile_rc|1
CTGAGGAATTTATAAATCTATAGGTGTCATGTACTGCATTGTCAGGAGTTGGTACAAATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6871_L1_Tile_rc|1
CATTTAGTGCTGAGGAATTTATAAATCTATAGGTGTCATGTACTGCATTGTCAGGAGTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6891_L1_Tile_rc|1
TTGCAGGAACCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATTTATAAATCTATAGGTGTCAT

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6896_L1_Tile_rc|1
ATCTTTTGCAGGAACCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATTTATAAATCTATAGGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6901_L1_Tile_rc|1
TCTCTATCTTTTGCAGGAACCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATTTATAAATCTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6906_L1_Tile_rc|1
GATCCTCTCTATCTTTTGCAGGAACCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATTTATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6911_L1_Tile_rc|1
AAATGGATCCTCTCTATCTTTTGCAGGAACCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6926_L1_Tile_rc|1
AAAGAAATATTGAGCAAATGGATCCTCTCTATCTTTTGCAGGAACCTTATCTGGACATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7021_L1_Tile_rc|1
CTGGTGTCTGTAAATCCTGCTTGGAACAAAAACTTTCTTCCTAAAGGATATTGATCTAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7026_L1_Tile_rc|1
TGACCCTGGTGTCTGTAAATCCTGCTTGGAACAAAAACTTTCTTCCTAAAGGATATTGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7031_L1_Tile_rc|1
TGATTTGACCCTGGTGTCTGTAAATCCTGCTTGGAACAAAAACTTTCTTCCTAAAGGATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7036_L1_Tile_rc|1
TTTAATGATTTGACCCTGGTGTCTGTAAATCCTGCTTGGAACAAAAACTTTCTTCCTAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7041_L1_Tile_rc|1
TACGCTTTAATGATTTGACCCTGGTGTCTGTAAATCCTGCTTGGAACAAAAACTTTCTTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7046_L1_Tile_rc|1
TCTGCTACGCTTTAATGATTTGACCCTGGTGTCTGTAAATCCTGCTTGGAACAAAAACTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7051_L1_Tile_rc|1
ACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTTGACCCTGGTGTCTGTAAATCCTGCTTGGAACAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7071_L1_Tile_rc|1
GTTTTGCAGTACCCCGAGAAACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTTGACCCTGGTGTCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7081_L1_Tile_rc|1
GTCCGTCGTCGTTTTGCAGTACCCCGAGAAACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTTGACC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6412_L1_Tile_rc|1
TACCATTATCTGCAGGCGCATCTCCACAAGGTAAGGCCTTTTCCCAATGCTCTCCCACAC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6427_L1_Tile_rc|1
CAATTGGAGGGCAAATACCATTATCTGCAGGCGCATCTCCACAAGGTAAGGCCTTTTCCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6447_L1_Tile_rc|1
AATAAAAGTGTTTTTTAATTCAATTGGAGGGCAAATACCATTATCTGCAGGCGCATCTCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6532_L1_Tile_rc|1
TATCCAGACTGACATCAGCCCTATTCTGCTGTAAAGTTTTGAAATTCATATTGCCAAAAC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6537_L1_Tile_rc|1
AACTATATCCAGACTGACATCAGCCCTATTCTGCTGTAAAGTTTTGAAATTCATATTGCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6542_L1_Tile_rc|2
TCATTAACTATATCCAGACTGACATCAGCCCTATTCTGCTGTAAAGTTTTGAAATTCATA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6547_L1_Tile_rc|1
AAGTTTCATTAACTATATCCAGACTGACATCAGCCCTATTCTGCTGTAAAGTTTTGAAAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6987_L1_Tile_rc|1
CTTTTGTGAGTCATATGATTGTATTTGCTGTATATCTTGATTTTCACTAGATATAGATAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt6997_L1_Tile_rc|1
ATTCCCTAAACTTTTGTGAGTCATATGATTGTATTTGCTGTATATCTTGATTTTCACTAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7002_L1_Tile_rc|2
TAAATATTCCCTAAACTTTTGTGAGTCATATGATTGTATTTGCTGTATATCTTGATTTTC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7007_L1_Tile_rc|1
TGCCTTAAATATTCCTAAACTTTTGTGAGTCATATGATTGTATTTGCTGTATATCTTGA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7012_L1_Tile_rc|1
CTACGTGCCTTAAATATTCCTAAACTTTTGTGAGTCATATGATTGTATTTGCTGTATAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7107_L1_Tile_rc|1
TAGTAAGGAGGGGTTTCATTGCATTTATTTGTGCTAAAACCTTCTGCTTGTAGTGAATCTT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7182_L1_Tile_rc|2

TAAGGAATCAATAAATCTGTATGTGTCTCTGGATAGGATTATCGGGAGTTGGCACAAATCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7197_L1_Tile_rc|1
GGGACACCTGGTAGCTAAGGAATCAATAAATCTGTATGTGTCTCTGGATAGGATTATCGGG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7202_L1_Tile_rc|2
TTATCGGGACACCTGGTAGCTAAGGAATCAATAAATCTGTATGTGTCTCTGGATAGGATTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7207_L1_Tile_rc|1
GATTTTTATCGGGACACCTGGTAGCTAAGGAATCAATAAATCTGTATGTGTCTCTGGATAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7212_L1_Tile_rc|1
TGGTGGATTTTTATCGGGACACCTGGTAGCTAAGGAATCAATAAATCTGTATGTGTCTCTG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7217_L1_Tile_rc|1
TCCTTTGGTGGATTTTTATCGGGACACCTGGTAGCTAAGGAATCAATAAATCTGTATGTG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt7397_L1_Tile_rc|1
CTTTTGATCCCCGTACAGAACTTCTATACGTTGAAGGCTTTGTACCGTTAACGGTCGTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6001_VE|1
ATATAGGGTGTTTAGGGTACGTTTGCCTGATCCCAATAAGTTTGGCCTTCCTGATGCATC
>HPV96_Beta_50253426_nt4321_VE|1
ATTTACAGGGGCTGTAAGGCAGCTGGCACATGCCCCCTGATGTTATTAATAAAGTTGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5791_VE|1
CAAATGTTTATCATAGGTTGCACTCCTGCTATTGGGGAACATTGGGATAAGGCTGAGCCT
>HPV14D_Beta_396918_nt2461_VE|1
GCTGAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGACAATGGAGAATCTCAGCGACCGTTTCAATGCTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5521_VE|1
TACCTGCCCCCTGTGTCTGTGTCTAAGGTTGTAAGCACAGATGAATATGTAACAAGAACA
>HPV75_Beta_2911544_nt6721_VE|1
TAACAGGCCATTTTGGCTGCAACGAGCACAGGGTCATAACAATGGTATATGTTGGGAAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt511_VE|1
TCAGCTACTAACAGTGCTAAACGAAAGTATGTTAGTCCTAGCCCGAAGCAGCGGGTAAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6541_VE|1
CCTCTGATTCCCAGTTATTTAATAAGCCTTATTGGCTACATAAGGCCAGGGCCACAACA
>HPV96_Beta_50253426_nt6811_VE|1
ATAGGCCTTTTTGGCTGCAAAGGGCTCAAGGCCATAATAATGGTATTTGCTGGGGTAATC
>HPV106_Alpha_71726710_nt2641_VE|1
CAATGGAGACATTGGCCAGCCGTTTAGATGTGTGCCAGGAGAAGTTGCTAGAACTGTATG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6151_VE|1
TTGAGGATGGCGATATGGTGGACACTGGTTTTGGGGCCATGGATTTTGCTAATTTACAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt6481_VE|1
ACCATATTGGATGCAACGTGCTCAGGGACACAATAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGTT
>HPV31_Alpha_333048_nt6541_VE|1
ATTTGTTACTGTGGTAGATACCACACGTAGTACCAATATGTCTGTTTGTGCTGCAATTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt5821_VE|1
ATTTTTTTGCGATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAGCAAGGTATACCTGCCTCCTGCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2221_VE|1
TGCAACACATCCATGTTGGGTGTATATGGATATTAACCTTCGGAATGGACTAGATGGTAA
>HPV93_Beta_37089393_nt2521_VE|1
AATCTTTTTTACAAGGCTTTGGACACAATTAGAAGTGAAGTACCAAGAAGACGAGGGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5851_VE|1
GATCCAAAACAAATGCAATTGTTTATTGTAGGATGTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGG
>HPV21_Beta_1020170_nt2731_VE|1
CCAAGAAGACGAGGGAGAAAATGGAGAATCTCAGCGATCGTTTTCAATGTTCTGCAAGATC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6511_VE|1
TTGGCTACAAAAGGCGCAAGGCCACAATAATGGCATTTGTTGGGGTAATCAATTGTTTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6571_VE|1
GGTTACAACGAGCACAGGGCCACAATAATGGCATTTGTTGGGGTAACCAACTATTTGTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4681_VE|1
GTCCTTCCCGCGTGTACAATTTGAATTTGAAAATCCCGCCTTTTTTAATGATGAGGTGA

>HPV1_Mu_9626063_nt2191_VE|1
AGTGATTTTCATACTGTAACAGTAAAAGTCAGTTTTGGTTGCAGCCTCTGGCTGATGCTAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6691_VE|1
AAGCCATATTGGCTGCAACGTGCCCAGGGCCACAACAATGGTATTTGTTGGTTTAATGAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6181_VE|1
TATGTAAATATCCAGATTATCTAGGCATGGCCGAGATCCCTATGGCGATTCTATGTGGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt31_VE|1
AAGGGTGTAACCGAAAACGGTCATGACCGAAAATCGGTGCATATATATAACCCAGCTTACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6211_VE|1
ACACAGTTATTCAGGATGGTGATATGGTTCATACTGGCTTTGGTGCTATGGACTTTACTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2581_VE|1
AATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGACACAATTAGAGCTCAGTGATCAAGAAGACGAGGGAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5581_VE|1
ACGTAAACGTGTTCCCTATTTTCTTACAGATGGCTTTGTGGCGTTCTAGTGACAGCAAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6001_VE|1
TCTGTCTATAGAAGATGGTGACATGATGGATATTGGTTTTGGGGCTATGGATTTTGCTGCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6691_VE|1
AAAAGGCCAGGGACATAATAATGGCATTGTGTTTGGGAATCAGTTGTTTGTACAGTGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt31_VE|1
GTAACCGAAAACGGTCCGACCGAAAACGGTACATATAAAAACCAACCCAAAAAACCTGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5611_VE|1
CCTCTGTTATTTCAGGATGGGGATATGTGTGATATTGGCTTTGGTGCCATGAATTTTGCTG
>HPV45_Alpha_397022_nt6541_VE|1
AAGCCATATTGGTTACATAAGGCCCAGGGCCATAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAG
>HPV5_Beta_9627145_nt4411_VE|1
GCAGGCACCTTGCCCCCTGATGTTATTAATAAAGTGGAAACAAACAACAGTTGCTGACAAT
>HPV52_Alpha_397038_nt5191_VE|1
ACGTACACGTAGTGGAACAAATTTGGGGCACGGGTACATTATTATCATGATATTAGTCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6691_VE|1
TCAGTTGTTTAATAAGCCATATTGGCTGCAGCGGGCGAGGGCCATAATAATGGTATTTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2101_VE|2
TAGTGTTTTGGGGACCTCCAGATACAGGAAAGTCTTATATTTGTTCTTCACTTACACGGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4291_VE|1
TCAAACATGCAAGGCGGCAGGCACCTGTCCCCCGGATGTTATTCTTAAAGTGGAAGAAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6301_VE|1
ACGTAGCAATGGATTATAAACAAACACAGCTATGTATTGTTGGCTGTACACCTCCCATGG
>HPV35_Alpha_333050_nt1231_VE|1
AAGCGACGATTATTTGAACTACCAGACAGCGGTTATGGCAATTCTGAAGTGGAATACAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt1231_VE|1
GGAACAAGACAGCGGATATGGCAATACTGAAGTGGAACGTACGAGAGACAGGTACCGGG
>HPV2_Alpha_9626032_nt5761_VE|1
ACGTAAACGTGTCCACTATTTCTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAATGAAAGCAAGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt5611_VE|1
TTTGAAACGTAGGCGTCGTAAACGTATTCCTATTTTCTTGCAGATGGCGGTGTGGCGGC
>HPV33_Alpha_333049_nt1261_VE|1
TAGAAGACAGCGGATATGGCAATACTGAAGTGGAACCTCAGCAGATGGTACAACAGGTAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt2731_VE|1
CAATAGCCAAGCGTTTAGATGCGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTTTATGAAGAAAACA
>HPV76_Beta_2911551_nt6751_VE|1
ATAGGCCCTTTTGGCTACAACGAGCACAGGGTCATAACAATGGCATTGTTGGGAAAATC
>HPV8_Beta_333074_nt2641_VE|1
AATCTTTTTTTGCAAGGCTTTGGACACAATTAGAGCTGAGTGATCAAGAAGACGAGGGCG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6181_VE|1
ACCATATTGGATTTCGACAGAGCTCAGGGTACGAACAATTGTATTTGTTGGGGTAATGAGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4501_VE|1

GCCTTCTCGATTGGTGCAGTTTGTAGTTTGAAAATCCCGCCTTTGATCCAGATATTAGTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt2701_VE|1
TCAGAGGACGAGGAAGAAAATGGAGACACTGGCCAAACGTTTAGATGCGTGCCAGGAACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4651_VE|1
ATTTGAAAATCCCGCCTTTGATGCTGACATCACTCAAACATTTGAGCGGGATTTAGAACA
>HPV26_Alpha_9627305_nt2731_VE|1
AGAAAATGGAGAACCTTTGCCAGCGTTTAAATGCGTGCCAGGAGAAAATACTAGACTATT
>HPV36_Beta_1020218_nt4381_VE|1
CAAGCAGGCACATGCCCCCTGATGTTGTGAATAAAGTGGAACAAACAACAGTTGCTGAC
>HPV10_Alpha_9627257_nt2401_VE|1
CAGCCATTTTGGTTGCAGCCATTATCTGAAGCCAAAATAGGACTGTTAGATGATGCAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt6481_VE|1
TACTGAGCAGCAGCTGTTTAACAGGCCCTTTTGGCTGCAGAGATCCCAGGGCCATAACAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6661_VE|1
ATGGTGTCTCTGATTCCCAATTATTTAATAAGCCATATTGGCTGCAACGTGCCAGGGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5761_VE|1
TAAACGTGTGCCCTATTCTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTAT
>HPV40_Alpha_397014_nt2611_VE|1
AGGGTTCAAGTGTTTGAATTTCCAAATCCATTTCCATTTGACAGCAACGGCAATGCTGTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt31_VE|1
AAAAGGGAGTAACCGAAAACGGTCGGGACGAAAACGGTGTATATAAAAAGATGTGAGAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6151_VE|1
ACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt2731_VE|1
AATGGAGAACCCTTTGCCAGCGTTTAAATGCGTGCCAGGAGAAAATACTAGACTATTATGA
>HPV32_Alpha_9627327_nt2731_VE|1
GGCCAAACGTTTAGATGCGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTATGAGGAAGATAGTAA
>HPV56_Alpha_397053_nt5791_VE|1
TGCATATCAATATAGGGTATTTAGGGTACGGTTGCCCCGACCCTAATAAGTTTGGGCTTCC
>HPV2_Alpha_9626032_nt2701_VE|1
ACCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTGCTAGAACTGTATGAAAAGGATAGCAACAAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6031_VE|1
AAGATGTTTATGGCGATAAATGTTTCTTTTGGAAAACGTGAGCAGTCGTATGCTCGCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6151_VE|1
GGCTTAGACGAGCCAGGGAACAAATAATGGCATTGTTGGGGAAATGAGCTGTTTATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5491_VE|1
GGTGCATGTCTCCTTTAGAGCTTGTTAGTTCCATTATTGAGGATGGGGATATGTGTGAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6421_VE|1
ATAAGCCTTATTGGTTGCAAAAGGCCCAGGGACAAAACAATGGCATTGCTGGCATAATC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6421_VE|1
TGGCTGCACAAGGCACAGGGACACAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAATTATTTCTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5701_VE|1
CAGGTTTGCAATACAGGTATTTAGAATACGTTTGCCAGATCCCAATAAATTTGGGTTC
>HPV58_Alpha_222386_nt1261_VE|1
GAGCTAGAAGACAGCGGATATGGCAATACTGAAGTGGAACCTGAGCAGATGGCACACCAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1741_VE|1
GCAGCATTATATTGGTATAGAACAGGAATATCTAATATTAGTGAGGTGTGTGGCGACACG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6121_VE|1
TTATTGAGGATGGTGATATGATTGATACTGGCTTTGGTGCCATGGATTTTACAGCTTTGC
>HPV31_Alpha_333048_nt2641_VE|1
TCAAGGACGTGGTGAGATTAAATTTGCACGAGGAAGAGGACAAAGAAAACGATGGAGAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6511_VE|1
ATATTTAATAAGCCATACTGGTTACAACGGGCCAGGGTCAAAACAATGGTATTTGTTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt2281_VE|1
CGTCGGACACAGGCAAATCATATTTTGCCAATGGTCTTAACAAATTTTGGATGGACACG

>HPV27_Alpha_396964_nt2701_VE|1
ACACTAGCGAACCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTGCTAGAACTTTATGAAAAAGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2191_VE|1
GCAAGATACTAAATTAGGCTTCCTAGATGATGCAACACATCCATGTTGGGTGTATATGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt5641_VE|1
GCACTGATGAATATGTAACACGCACAAACATCTACTATCATGCAGGCAGTTCTAGGCTAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt6481_VE|1
TACAGCGTGCCAGGGTCATAATAATGGCATTTGTTGGGGCAACCAATTGTTTGTACTT
>HPV41_Nu_9626041_nt4051_VE|1
AGTGTAGGGGTTTTCTTTGGCGGTCTGGGCATTGGCACAGGACGTGGTGGCGGTGGCACA
>HPV41_Nu_9626041_nt6511_VE|1
TTGGCTGCAGAGATCCCAGGGCCATAACAAATGGCATACTGTGGCACAACGAGGCCTTTGT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6601_VE|1
TTAATAAGCCTTTTTGGTTGCAAAGGGCGCAGGGCCACAATAATGGTATTTGTTGGGGGA
>HPV51_Alpha_333087_nt2731_VE|1
ATGCCACCGTTTAAATGTGTGCCAGGAGAAAATACTAGACTGTTATGAACTGGACAGTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt2551_VE|1
GCAACAGTTAGAATTAAGTGACCAAGAAGACGAGGGAAACGATGGAAAACCTCAGCAGTC
>HPV65_Gamma_312100_nt5881_VE|1
TGTCTCCTATAGAGCTTGTGAACACATATATTGAGGATGGGGATATGTGTGATATTGGT
>HPV29_Alpha_1020210_nt2731_VE|1
AGAACCTAGCGAACCGTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAATACTAGAACTGTATGAAAGAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6481_VE|1
GTCTCTTCTGATTCCCAGTTGTTTAATAAGCCCTATTGGTTGCATAAGGCCAGGGACAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6361_VE|2
TCTTACTGGCTTCAGCGATGTCAAGGCCAGAATAATGGCATTTGCTGGAGAAACCAGTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6331_VE|1
AATAGACCTTATTGGCTTCACAGAGCCCAGGTGCAAATAATGGTATTTGTTGGGGTAAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6511_VE|1
TAAGCCATACTGGTTACAACGTGCACAGGGTCATAATAATGGTATCTGTTGGGGCAATCA
>HPV30_Alpha_396973_nt6571_VE|1
TTAATAAACCTTACTGGTTGCAACGCGCACAGGGACACAATAATGGCATTTGTTGGGGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt2581_VE|1
GCCAGTTAGACTTAAGTGACCAAGAAGACGAGGAGAGTGATGGAAAGCCTCAACAACCGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5641_VE|1
ATATTGGCTTTGGTGCCATGAATTTTGTGCTGCTTGCAGGCTGATCACTCAGGGGTACCCC
>HPV42_Alpha_333211_nt2701_VE|1
TATGGAGAGACTGGCCAAACGTTTAGATGCGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTGTATGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5641_VE|1
CTATTTTCTTGCAGATGGCGGTGTGGCGGCCTAGTGACAGCAAGGTTTATCTGCCTCCTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5731_VE|1
AACGTCGTAAACGTGTACCCTATTCTTTTCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGC
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt4411_VE|1
AAACAAGCAGGCACTTGCCCCCTGATGTTCTTAATAAAGTGGAGCAAACAACAGTTGCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt1201_VE|1
CGCAAAACGCAGAGCATACGACATAGAAGACGCGGATATGGCAATACTGAAGTGGAAAC
>HPV58_Alpha_222386_nt6571_VE|1
CTTATTGGCTACAGCGTGCACAAGGTCATAACAATGGCATTTGCTGGGGCAATCAGTTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2611_VE|1
TAGAGCTCAGTGATCAAGAAGACGAGGGAGAGGATGGAACTCTCAGCGCACGTTTCAAT
>HPV40_Alpha_397014_nt6361_VE|1
GATGGCGACATGGTGGATACTGGCTTTGGTGCTATGGATTTTGCTTCCTTGCAGGCCAAT
>HPV52_Alpha_397038_nt5731_VE|1
GCACAAGCATCTATTATTATGCAGGCAGTTCTCGATTACTAACAGTAGGACATCCCTATT
>HPV10_Alpha_9627257_nt2791_VE|1

CGAACCGTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAATGCTAGAACTATATGAAAAGGATAGCGACA
>HPV52_Alpha_397038_nt6601_VE|1
GTGCGCAGGGCCACAATAATGGCATATGTTGGGGCAATCAGTTGTTTGTACAGTTGTGG
>HPV58_Alpha_222386_nt6601_VE|1
ACAATGGCATTGCTGGGGCAATCAGTTATTTGTTACCGTGGTTGATACCACTCGTAGCA
>HPV96_Beta_50253426_nt2761_VE|1
TTTTTTTCAAAGGCTTTGGAAGCAGTTAGATCTAAGTGACCAAGAAGACGAGGGGGAGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6421_VE|1
TTATGAATCCCAGAATATTAGAGGAGTGGAATTAGCTTTTGTTCACCAGCTCCAACGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt2731_VE|1
GCACTAGCCGACCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGAAATTGCTAGACCTTTATGAAAAAGAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6451_VE|1
AGGATGGTGATATGGTAGATACAGGGTTTGGTGCACCTTGATTTTGCATCCTTACAAGCCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt2311_VE|1
CATTTGTAAATTCAAATAGCCATTTTTGGTTAGAACC GTTAGCGGATGCCAAGGTAGCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5701_VE|1
TTGGAAGGCCTTGAAATTGGTAGAGGTGGGCCCTTAGGAATTGGAACCTCTGGCCATCCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt2701_VE|1
ACAATGGAGACACTGGCCAGCCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTACTAGAACTGTAT
>HPV9_Beta_9627396_nt2641_VE|1
GTTAGATCTGAGTGATCAAGAAGACGAGGGAGAGGATGGAACTCTCAGCGCACGTTTCA
>HPV51_Alpha_333087_nt631_VE|1
ATGCTACGAGCAATTTGACAGCTCAGAGGAGGATGAAGTAGATAATATGCGTGACCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6541_VE|1
TCATAATAATGGTATCTGTTGGGGCAATCAATTGTTTGTACCTGTGTTGATACCACCCG
>HPV67_Alpha_3228267_nt6541_VE|1
ATAAACCATATTGGTTACAACGCGCACAAAGGTCATAACAATGGTATATGCTGGGGTAATC
>HPV92_Beta_27531786_nt2521_VE|1
TGGAGGCAATTAGATCTAAGTGACCAAGAAGACGAGGGTGAGGATGGAGGCTCTCAGCGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6661_VE|1
TACAAAAGGCCCAGGGACACAATAATGGTATATGTTGGGGCAATCACTTGTTTGTACTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5461_VE|1
ACATCACTATACTTCCACGCTGGAACAGAAAGACTTTTAACTGTAGGCCATCCTTATTTT
>HPV15_Beta_396924_nt2581_VE|1
GAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGAGACAGTTAGAGCTCAGTGATCAAGAAGACGAGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4591_VE|1
CCGGCCTTCACGCGCGGTTCAATTTGAATTTGAAAATCCCGCCTTTACTGGTGATGTAAG
>HPV36_Beta_1020218_nt2671_VE|1
TGGACACAATTAGAACTCAGTGACCAAGAAGACGAGGGCGAAAATGGAGAATCTCAGCGA
>HPV23_Beta_1020186_nt2671_VE|1
TTGGATACAATTAGGACTCAGTGACCAAGAGGACGAGGGAGAGGATGGAAGCACTCAGCG
>HPV21_Beta_1020170_nt2701_VE|1
AAGGCTTTGGAATCAATTAGAGCTGAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGAAAATGGAGAATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5491_VE|1
AAATTGAGATTCCTAAGGTGTCTGCATGCCAATATCGAGTGTTTAGGCTGAAATTGCCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5341_VE|1
TGCACGCAGTGAGCGTTTACTAATTGTGGGACACCCATATTATGATATAGAAGATGGTGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt4141_VE|1
ATAAAACATGTAAACAAGCAGGTACGTGCCCTCCTGATGTAATTCCCAAGGTTGAAGGTA
>HPV12_Beta_396910_nt2641_VE|1
GACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGACACAATTAGACCTGAGTGACCAA
>HPV15_Beta_396924_nt2611_VE|1
GTTAGAGCTCAGTGATCAAGAAGACGAGGGAGACGATGGATACTCTCAGCGAACGTTTCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2641_VE|1
CGACCGTTTAGATGCGTGCCAGGAGAGGTTAATAGACCTTTATGAAAAGGATAGCAACAA

>HPV73_Alpha_1491692_nt1231_VE|1
TTTGAGGAGCAGGACAGTGGATATGGCAATACTGAAGTGGAACTTACGAGACAGAGGTA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4441_VE|1
AAAACCTGCAAAGCAGCAGGCACATGCCCCCTGATGTTATTCCCAAGGTTGAGGGCACT
>HPV31_Alpha_333048_nt1231_VE|1
AGACTCTTTGAACTTCCAGACAGCGGGTATGGCAATACTGAAGTGGAAACGCAGCAGATG
>HPV59_Alpha_557236_nt5161_VE|1
CAAATTGGGGCCCGTGACATTTTTTATCATGATATAAGCCCTATACCACATGCTGAAGAT
>HPV56_Alpha_397053_nt6511_VE|1
ATTTAATAAAACCTTATTGGTTGCAACGTGCCCAAGGCCATAATAATGGCATTGTGCTGGGG
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt5941_VE|1
TAACGGTAAGGCTCTATCTACCACCATCAACACCAGTGGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGA
>HPV11_Alpha_333026_nt2701_VE|1
GAGGATTTCAGAGGACGAGGAAGATGGAAGCAATAGCCAAGCGTTTAGATGCGTGCCAGGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2611_VE|1
TAAAAGGCTTTGGAGACAATTAGACCTCAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGAGGATGGAGA
>HPV81_Alpha_40804509_nt6781_VE|1
GTTTAATAAGCCTTATTGGCTACAACGGGCACAGGGCCATAATAATGGCATTGTGTTGGTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6361_VE|1
AAAAAGTGAAGTTATTGAGGATGGCGACATGGTTGATGCAGGCTTTGGTGCCATGGATTT
>HPV107_Beta_126131393_nt7351_VE|1
AAGTGGTATGTGAAGCATTTTTTAACCGTGTCGTGACTAAACCGAACAAGTCAACACCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5461_VE|1
TACAGAAAAGGCTTTTAACTGTAGGCCATCCTTATTTTCCAGTGAAAGATGTACAGGAACC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4621_VE|1
GACACAGCCTTCCCGCGCAATAGTATTTGGATTTGAAAATCCCGCCTTTGATGCTGACAT
>HPV44_Alpha_1020242_nt6601_VE|1
TTAATAAGCCTTTTGGTTGCAAAAGGCGCAGGGCCACAATAATGGTATTTGTTGGGGAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt2791_VE|1
CGAACCGTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAATGCTAGAACTTTATGAAAAGGATAGCAACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt6451_VE|1
ATGCTCAATTGTTTAATAAACCTTACTGGTTACAGCGTGCCAGGGTCATAATAATGGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt2701_VE|1
AAATCTTTTTTTGAAAGGCTTTGGACACAATTAGAGCTGAGTGACCAAGAAGACGAGGGA
>HPV11_Alpha_333026_nt2731_VE|1
AATAGCCAAGCGTTTAGATGCGTGCCAGGATCAGTTGTTAGAACTTTATGAAGAAAACAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5581_VE|1
TGGTCATCCCTTGTTTAATAAGGTTGGAGACACAGAAAATCCTAGCTTTTACTTAGGTCC
>HPV38_Beta_1020234_nt2611_VE|1
CTTTAAAAGGCTGTGGACACAATTAGAGCTCAGTGATCAAGAAGACGAGGGAGACAATGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5731_VE|1
AACGTGTCCCTATTCTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTGGTGACGGCAAGGTATAC
>HPV110_Beta_186461194_nt2611_VE|1
AGTGATCAAGAAGAAGAGGGAGACGATGGAAACTCTCAGCGATCGTTTCAATGCACTGCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6631_VE|1
AGGCCCAGTTGTTTAATAAACCTTATTGGTTACAAAAGGCCAGGGACACAATAATGGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6511_VE|1
CCCTATTGGTTGCATAAGGCCAGGGACACAATAATGGCATTGTGTTGGCATAACCAGTTG
>HPV111_Beta_186461202_nt2581_VE|1
AGCTCTGATCAAGAAGACGAGGGAGAGGATGGAAACACTCAGCGAACGTTTCAATGCACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5551_VE|1
ATTGGCTTTGGTGCAATGAATTTTGCTACATTGCAGGAGGACCATTTCAGGTGTACCCTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5551_VE|1
GAGAGGTGGGCCCTTTAGGTGTTGGATCTACTGGTCATCCCTTGTTTAATAAGGTTGGAGA
>HPV59_Alpha_557236_nt2011_VE|1

TAGTAACGCCGCTGCATTTTTTAAAAAGCAACTGCCAGGCAAAATACCTAAAAGATTGTGC
>HPV65_Gamma_312100_nt4621_VE|1
AATAGTTTTTGGATTTGAAAATCCCGCCTTTGACGCTGACATCAAGTATTTGAGCG
>HPV52_Alpha_397038_nt2041_VE|1
CGCAAGCAAAAATAGTAAAGGACTGTGCAACCATGTGTAGACATTATAAACGGGCAGAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3391_VE|1
ACGGTTACTCACGACTTGGACGATTACAGGAAGAAGCTCGGGATCCGCCATTAGTGTTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6121_VE|1
CGAAGGGAACAGCTTTTATGCAAGACACTTTTTTGTAGAGCTGGGACAATGGGTGATGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6121_VE|1
GCGATTCTCAGTTATTTAATAGGCCTTATTGGCTTAGACGAGCCCAGGGAACAAATAATG
>HPV12_Beta_396910_nt5881_VE|1
TACCACCATCAACACAGTGGCCAGGGTGCAAAGCACGGATGAATACATTCAAAGGACTA
>HPV57_Alpha_60882_nt2701_VE|1
CGTTTAGATGCGTGCCAGGAGACGTTGCTAGAACTGTATGAAAAAGATAGCAACAACTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt6331_VE|1
TTATACAGGATGGTGACATGGTAGATACAGGATTTGGTGCAATGGATTTTGCTTCCCTAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt6511_VE|1
ATCGCGCCCAGGGCCACAATAATGGCATTGCTGGAATAATCAGCTTTTTTATTACTTGTG
>HPV65_Gamma_312100_nt5431_VE|1
TTCCACGCTGGAACAGAAAGCCTTTTAACGTAGGCCATCCTTATTTTCCAGTGAAAGAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt6481_VE|1
CTCAGATTTTTTAATAAGCCTTATTGGTTGCATCGCGCCCAGGGCCACAATAATGGCATT
>HPV94_Alpha_40804528_nt4441_VE|1
GCAAAGCCTCAGGCACATGCCCCCAGATGTTATTCCCAAAGTGGAAGGCACCACTTTGG
>HPV58_Alpha_222386_nt31_VE|1
TAGGGTGTAACCGAAAACGGTCTGACCGAAAACCGGTGCATATATAAAGCAGACATTTTTT
>HPV30_Alpha_396973_nt5641_VE|1
TTTTCTTGACAGATGGCGGTGTGGCGGCCTAGTGAAACCAAGGTTTACCTGCCTCCTACAC
>HPV8_Beta_333074_nt4321_VE|1
ACATTTATCAAACCTGCAAACAGGCAGGTACATGCCCCCTGATGTTATTAATAAAGTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6541_VE|1
GCCCAGGGTCAAAACAATGGTATTTGTTGGGGCAATCAGGTGTTTTTAACAGTTGTAGAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt6421_VE|1
CCATATTGGTTGCATAGGGCCCAGGGCCATAACAATGGTATTTGTTGGCATAATCAATTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1741_VE|1
GTTTGTAATAGCAGAAGCAATTTTGGTTGCAACCACTAGTAGATGGGAAAATAGGGCT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6061_VE|1
AATACTCCTATTGAGGATGGCGATATGATTGATACAGGATATGGTGCTATGGACTTTGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4711_VE|1
AGTCAATGGTCACTTTTGATAATCCAGCATTTGAGCCAGAGCTTGATGAGGTGTCTATTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6541_VE|1
ATTACCTCTGAGGCCCAATTATTTAATAAACCTTATTGGTTGCAACGTGCACAGGGCCAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt2221_VE|1
GGGCCGCCAAATACAGGCAAGTCATATTTTGCATGAGCCTTATACATTTTTTACAAGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt481_VE|1
GCAGCTAGAGGACGACACGACGAGCTTAAGATTCTAAAACGAAAGTACTTTAGTCCTAG
>HPV55_Alpha_1020266_nt1051_VE|1
GCGGCTGTGCAGGACCTAAAACGAAAGTATTTAGGTAGTCCATATGTGAGTCCTTTAAGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6391_VE|1
CTATGGTATCCTCAGATGCACAAATTTTTTAATAAGCCTTATTGGTTGCAAAAGGCCAGG
>HPV59_Alpha_557236_nt1261_VE|1
AGACAGCGGCTATGGCTATTCTGAAGTGGAATGCTCGAGACTCAGGTAACCGTGGAGAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4261_VE|1
GCGCAAACGTGCCCTCTGCAACACAACCTATATCAAACATGCAAGGCGGCAGGCACCTGTCC

>HPV77_Alpha_2911558_nt2731_VE|1
TGGAGAACCTAGCGAGCCGTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAATGCTAGAACTCTATGAAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt31_VE|1
GGGACCGAAAACGGTCCGACCGAAAGCGGTACATATATAAACACCCAAAAACCATAGCT
>HPV42_Alpha_333211_nt1951_VE|1
CAACGGGCAGACAGGGATAGCAATGCTGCTGCATTTTTTAAAAAGTAACTGCCAGGCAAAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt631_VE|1
TTGCAATGCTACGAGCAATTTGACAGCTCAGACGAGGAGGATGAAGTAGATAATATGCGT
>HPV44_Alpha_1020242_nt1051_VE|1
TATGCGGCTGTGCAGGACCTAAACGAAAAGTATTTAGGTAGTCCATATGTTAGTCCTTTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5581_VE|1
GAAACGTAAACGTGTTCCCTATTTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2491_VE|1
CTTAGATTTACCTGAAGATGACCCAGATGGAGACACAGGAACTCTGAGCGCACGTTTTTC
>HPV37_Beta_1020226_nt2641_VE|1
TCTCAGTGACCAAGAAGACGAGGGAGACGATGGACACACTCAGCGATCGTTTCAATGCAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt5581_VE|1
GTAAACGTTTCCCATATTTTCTTGCGATGGCTATGTGGCGGCCTAGCGAAAACAAAGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt91_VE|1
GCTTGTAATAAGGGAGTAACCGAAAACGGTCCGACCGAAAGCGGTACATATATAAACCA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6571_VE|1
CCTTATTGGTTGCAACGTGCACAGGGCCATAATAATGGCATATGCTGGGGTAATCAGGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6031_VE|1
TCTGTGGACTATAAGCAAACACAGTTATGTATTATAGGCTGTGTTCTTGCTATGGGAGAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6001_VE_rc|1
GATGCATCAGGAAGGCCAACTTATTGGGATCAGGCAAACGTACCCTAAACACCCTATAT
>HPV96_Beta_50253426_nt4321_VE_rc|1
TTCAACTTTATTAATAACATCAGGGGGGCATGTGCCAGCTGCCTTACAGCCCCTGTAAAT
>HPV65_Gamma_312100_nt5791_VE_rc|1
AGGCTCAGCCTTATCCCAATGTTCCCAATAGCAGGAGTGCAACCTATGATAAACATTTG
>HPV14D_Beta_396918_nt2461_VE_rc|1
GAGCATTGAAACGGTCGCTGAGATTCTCCATTGTCTCCCTCGTCTTCTTGGTCACTCAGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5521_VE_rc|1
TGTTCTTGTTACATATTCATCTGTGCTTACAACCTTAGACACAGACACAGGGGGCAGGTA
>HPV75_Beta_2911544_nt6721_VE_rc|1
TTTTCCCAACATATACCATTGTTATGACCTGTGCTCGTTGCAGCCAAAATGGCCTGTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt511_VE_rc|1
ATTACCCGCTGCTTCGGGCTAGGACTAACATACTTTTCGTTTTAGCACTGTTAGTAGCTGA
>HPV39_Alpha_333245_nt6541_VE_rc|1
TGTTGTGGCCCTGGGCCTTATGTAGCCAATAAGGCTTATTAAATAACTGGGAATCAGAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt6811_VE_rc|1
GATTACCCCAGCAAATACCATTATTATGGCCTTGAGCCCTTTGCAGCCAAAAAGGCCTAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt2641_VE_rc|1
CATACAGTTCTAGCAACTTCTCCTGGCACACATCTAAACGGCTGGCCAATGTCTCCATTG
>HPV82_Alpha_6970427_nt6151_VE_rc|1
CTTGTAATTAGCAAAATCCATGGCCCCAAAACAGTGTCCACCATATCGCCATCCTCAA
>HPV31_Alpha_333048_nt6481_VE_rc|1
AACTGATTGCCCCAACAAATACCATTATTGTGTGCCCTGAGCACGTTGCATCCAATATGGT
>HPV31_Alpha_333048_nt6541_VE_rc|1
GCAATTGCAGCACAAACAGACATATTGGTACTACGTGTGGTATCTACCACAGTAACAAAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5821_VE_rc|1
GGCAGGAGGCAGGTATACCTTGCTGTCACTAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAAAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2221_VE_rc|1
TTACCATCTAGTCCATTCCGAAGGTTAATATCCATATACACCCAACATGGATGTGTTGCA
>HPV93_Beta_37089393_nt2521_VE_rc|1

CTCCCTCGTCTTCTTGGTCACTCAGTTCTAATTGTGTCCAAAGCCTTGTAAGGATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5851_VE_rc|1
CCAGTGTTTACCAGTGGCTGGTTTACATCTTACAATAACAATTGCATTTGTTTTGGATC
>HPV21_Beta_1020170_nt2731_VE_rc|1
GATCTTGCAGAACATTGAAACGATCGCTGAGATTCTCCATTTTCTCCCTCGTCTTCTTGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6511_VE_rc|1
ACAAACAATTGATTACCCCAACAAATGCCATTATTGTGGCCTTGCGCCTTTTGTAGCCAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6571_VE_rc|1
TAACAAATAGTTGGTTACCCCAACAAATGCCATTATTGTGGCCCTGTGCTCGTTGTAACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4681_VE_rc|1
TCACCTCATCATTAAGGCGGGGATTTTCAAATTCAAATTGTACAGCGCGGAAGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt2191_VE_rc|1
TTAGCATCAGCCAGAGGCTGCAACCAAACTGACTTTTACTGTTACAGTATGAAATCACT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6691_VE_rc|1
TTCATTAAACCAACAAATACCATTGTTGTGGCCCTGGGCACGTTGCAGCCAATATGGCTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt6181_VE_rc|1
ACCACATAGAATCGCCATAGGGATCTGCGGCCATGCCTAGATAATCTGGATATTTACATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt31_VE_rc|1
TGTAAGCTGGGTTATATATATGCACCGATTTCGGTCATGACCGTTTTTCGGTTACACCCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6211_VE_rc|1
TAGTAAAGTCCATAGCACCAAGCCAGTATGAACCATATCACCATCTGAATAACTGTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2581_VE_rc|1
CTCCCTCGTCTTCTTGATCACTGAGCTCTAATTGTGTCCAAAGCCTTTCAAGGATTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5581_VE_rc|1
CCTTGCTGTCACTAGAACGCCACAAAGCCATCTGTAAGAAAATAGGGAACACGTTTACGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6001_VE_rc|1
AGCAGCAAAATCCATAGCCCCAAAACCAATATCCATCATGTCAACATCTTCTATGACAGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6691_VE_rc|1
CCACTGTAACAAACAACACTGATTCCCAAAACAAATGCCATTATTATGTCCCTGGGCCTTTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt31_VE_rc|1
ATCAGGTTTTTTGGGTTGGTTTTTATATGTACCGTTTTTCGGTCGGACCGTTTTTCGGTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5611_VE_rc|1
CAGCAAAATTCATGGCACCAAGCCAATATCACACATATCCCCATCTGAATAACAGAGG
>HPV45_Alpha_397022_nt6541_VE_rc|1
CTGATTATGCCAACAATACCATTGTTATGGCCCTGGGCCTTATGTAACCAATATGGCTT
>HPV5_Beta_9627145_nt4411_VE_rc|1
ATTGTGCACTGTTGTTTGTTCACCTTTATTAATAACATCAGGGGGGCAAGTGCCTGC
>HPV52_Alpha_397038_nt5191_VE_rc|1
GGACTAATATCATGATAATAATGTACCCGTGCCCAATTTGTTTTCCACTACGTGTACGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6691_VE_rc|1
CAAATACCATTTATTATGGCCCTGCGCCCGCTGCAGCCAATATGGCTTATTAAACAACTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2101_VE_rc|2
ACCGTGTAAGTGAAGAACAATATAAGACTTTCCTGTATCTGGAGGTCCCCAAAACACTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4291_VE_rc|1
GTTCTTTCCACTTTAGGAATAACATCCGGGGGACAGGTGCCTGCCGCCTGCATGTTTGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6301_VE_rc|1
CCATGGGAGGTGTACAGCCAACAATACATAGCTGTGTTTGTATAATCCATTGCTACGT
>HPV35_Alpha_333050_nt1231_VE_rc|1
GTGTATTTCACCTTCAGAATTGCCATAACCGCTGTCTGGTAGTTCAAATAATCGTCGCTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt1231_VE_rc|1
CCCGGTACCTGTCTCTCGTACGTTTCCACTTCAGTATTGCCATATCCGCTGTCTTGTTC
>HPV2_Alpha_9626032_nt5761_VE_rc|1
CCTTGCTTTTCATTAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAGAAATAGTGGACACGTTTACGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt5611_VE_rc|1
GCCGCCACACCGCCATCTGCAAGAAAATAGGGAATACGTTTACGACGCTACGTTTCAAA

>HPV33_Alpha_333049_nt1261_VE_rc|1
CTACCTGTTGTACCATCTGCTGAGTTTCCACTTCAGTATTGCCATATCCGCTGTCTTCTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt2731_VE_rc|1
TGTTTTCTTCATAAAGTTCTAACAACCTGTTCTCGGCACGCATCTAAACGCTTGGCTATTG
>HPV76_Beta_2911551_nt6751_VE_rc|1
GATTTTCCCAACAAATGCCATTGTTATGACCCTGTGCTCGTTGTAGCCAAAAGGGCCTAT
>HPV8_Beta_333074_nt2641_VE_rc|1
CGCCCTCGTCTTCTTGATCACTCAGCTCTAATTGTGTCCAAAGCCTTGCAAAAAAAGATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6181_VE_rc|1
ACCTCATTACCCCAACAAATACAATTGTTTCGTACCCCTGAGCTCTGCGAATCCAATATGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4501_VE_rc|1
ATACTAATATCTGGATCAAAGGCGGGATTTTCAAACCTCAAACCTGCACCAATCGAGAAGGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt2701_VE_rc|1
TGTTTCCTGGCAGCATCTAAACGTTTGGCCAGTGTCTCCATTTTCTTCTCGTCTCTGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4651_VE_rc|1
TGTTCTAAATCCCGCTCAAATGTTTGAGTGATGCTCAGCATCAAAGGCGGGATTTTCAAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt2731_VE_rc|1
AATAGTCTAGTATTTTCTCCTGGCAGCATTTAAACGCTGGCAAAGGTTCTCCATTTTCT
>HPV36_Beta_1020218_nt4381_VE_rc|1
GTCAGCAACTGTTGTTTGTTCACCTTTATTACACAACATCAGGGGGGCATGTGCCTGCTTG
>HPV10_Alpha_9627257_nt2401_VE_rc|1
GTTGCATCATCTAACAGTCCTATTTTGGCTTCAGATAATGGCTGCAACCAAAAAATGGCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt6481_VE_rc|1
TTGTTATGGCCCTGGGATCTCTGCAGCCAAAAGGGCCTGTAAACAGCTGCTGCTCAGTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6661_VE_rc|1
GCCCTGGGCACGTTGCAGCCAATATGGCTTATTAAATAATTGGGAATCAGAGGACACCAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5761_VE_rc|1
ATACCTTGCCGTCACCAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAGAATAGGGCACACGTTTA
>HPV40_Alpha_397014_nt2611_VE_rc|1
CACAGCATTGCCGTTGCTGTCAAATGGAAATGGATTGGAAATTCAAACACTTGAACCCCT
>HPV18_Alpha_9626069_nt31_VE_rc|1
TTTCTCACATCTTTTATATACACCGTTTTTCGGTCCCGACCGTTTTTCGGTTACTCCCTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6151_VE_rc|1
ACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGT
>HPV69_Alpha_9670418_nt2731_VE_rc|1
TCATAATAGTCTAGTATTTTCTCCTGGCAGCATTTAAACGCTGGCAAAGGTTCTCCATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt2731_VE_rc|1
TTACTATCTTCTTCATACAGTTCTAACAACCTGTTCTTGGCAGCATCTAAACGTTTGGCC
>HPV56_Alpha_397053_nt5791_VE_rc|1
GGAAGCCCAAACCTTATTAGGGTCGGGCAACCGTACCCTAAATACCCTATATTGATATGCA
>HPV2_Alpha_9626032_nt2701_VE_rc|1
GTTTGTGCTATCCTTTTCATACAGTTCTAGCAACGTCTCCTGGCAGCATCTAAACGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6031_VE_rc|1
GGCGAGCATACGACTGCTCACGTTTTTCAAAAAAGAAACATTTATCGCCATAAACATCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6151_VE_rc|1
TAATAAACAGCTCATTTCCCAACAAATGCCATTATTTGTTCCCTGGGCTCGTCTAAGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5491_VE_rc|1
ATCACACATATCCCCATCCTCAATAATGGAACCTAACAAGCTCTAAAGGAGGACATGCACC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6421_VE_rc|1
GATTATGCCAGCAAATGCCATTGTTTTGTCCCTGGGCCTTTTGCAACCAATAAGGCTTAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6421_VE_rc|1
AAGAAATAATTGATTATGCCAACAATAACCATTTGTGTGTCCTGTGCCTTGTGCAGCCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5701_VE_rc|1
GGAACCCAAATTTATTGGGATCTGGCAAACGTATTCTAAATACCCTGTATTGCAAACCTG
>HPV58_Alpha_222386_nt1261_VE_rc|1

CTGGTGTGCCATCTGCTCAGTTTCCACTTCAGTATTGCCATATCCGCTGTCTTCTAGCTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1741_VE_rc|1
CGTGTGCGCCACACACCTCACTAATATTAGATATTCCTGTTCTATACCAATATAATGCTGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6121_VE_rc|1
GCAAAGCTGTAAAATCCATGGCACCAAAGCCAGTATCAATCATATCACCATCCTCAATAA
>HPV31_Alpha_333048_nt2641_VE_rc|1
GTCTCCATCGTTTTCTTTGTCTCTTCTCGTGCAAATTTAATCTGCACCACGTCCTTGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6511_VE_rc|1
CCAACAAATACCATTTGTTTTGACCCTGGGCCCGTTGTAACCAGTATGGCTTATTAAATAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2281_VE_rc|1
CGTGTCCATCCAAAAATTTGTTAAGACCATTGGCAAATATGATTTGCCTGTGTCCGACG
>HPV27_Alpha_396964_nt2701_VE_rc|1
ATCTTTTTTCATAAAGTTCTAGCAACGTCTCCTGGCACGCATCTAAACGGTTCGCTAGTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2191_VE_rc|1
TCCATATACACCCAACATGGATGTGTTGCATCATCTAGGAAGCCTAATTTAGTATCTTGC
>HPV35_Alpha_333050_nt5641_VE_rc|1
ATAGCCTAGAACTGCCTGCATGATAGTAGATGTTTGTGCGTGTACATATTCATCAGTGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt6481_VE_rc|1
AAGTAACAAACAATTGGTTGCCCCAACAAATGCCATTATTATGACCCTGGGCACGCTGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt4051_VE_rc|1
TGTGCCACCGCCACCACGTCCTGTGCCAATGCCAGACCGCCAAAGAAAACCCCTACACT
>HPV41_Nu_9626041_nt6511_VE_rc|1
ACAAAGGCCCTCGTTGTGCCACAGTATGCCATTGTTATGGCCCTGGGATCTCTGCAGCCAA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6601_VE_rc|1
TCCCCCAACAAATACCATTATTGTGGCCCTGCGCCCTTTGCAACCAAAAAAGGCTTATTAA
>HPV51_Alpha_333087_nt2731_VE_rc|1
TCACTGTCCAGTTCATAACAGTCTAGTATTTTCTCCTGGCACACATTTAAACGGTGGCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt2551_VE_rc|1
GACTGCTGAGGTTTTCCATCGTTTCCCTCGTCTTCTTGGTCACTTAATTCTAACTGTTGC
>HPV65_Gamma_312100_nt5881_VE_rc|1
ACCAATATCACACATATCCCCATCCTCAATATATGTGTTACAAGCTCTATAGGAGGACA
>HPV29_Alpha_1020210_nt2731_VE_rc|1
CTCTTTTCATACAGTTCTAGTATTTTGTCTTGGCACGCATCTAAACGGTTCGCTAGGTTCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6481_VE_rc|1
GTGTCCCTGGGCCTTATGCAACCAATAGGGCTTATTAAACAACCTGGGAATCAGAAGAGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6361_VE_rc|2
TAACTGGTTTCTCCAGCAAATGCCATTATTCTGGCCTTGACATCGCTGAAGCCAGTAAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6331_VE_rc|1
GTTACCCCAACAAATACCATTATTTGCACCTTGGGCTCTGTGAAGCCAATAAGGTCTATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6511_VE_rc|1
TGATTGCCCCAACAGATACCATTATTATGACCCTGTGCACGTTGTAACCAGTATGGCTTA
>HPV30_Alpha_396973_nt6571_VE_rc|1
TGCCCCAACAAATGCCATTATTGTGTCCCTGTGCGCGTTGCAACCAGTAAGGTTTATTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt2581_VE_rc|1
GCGGTTGTTGAGGCTTTCCATCACTCTCCTCGTCTTCTTGGTCACTTAAGTCTAACTGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5641_VE_rc|1
GGGGTACCCCTGAGTGATCAGCCTGCAAGGCAGCAAAATTCATGGCACCAAAGCCAATAT
>HPV42_Alpha_333211_nt2701_VE_rc|1
TCATACAGTTCTAACAACCTGTTCTTGGCACGCATCTAAACGTTTGGCCAGTCTCTCCATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5641_VE_rc|1
TAGGAGGCAGATAAACCTTGCTGTCACTAGGCCGCCACACCGCCATCTGCAAGAAAATAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt5731_VE_rc|1
GCCGTCACCAGGCCGCCACAAAGCCATCTGAAAAAGAATAGGGTACAGTTTACGACGTT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt4411_VE_rc|1
AGCAACTGTTGTTTGCTCCACTTTATTAAGAACATCAGGGGGGCAAGTGCCTGCTTGTTT

>HPV67_Alpha_3228267_nt1201_VE_rc|1
GTTTCCACTTCAGTATTGCCATATCCGCTGTCTTCTATGTCTGCTATGCTCTGCGTTTTGCG
>HPV58_Alpha_222386_nt6571_VE_rc|1
ATAACTGATTGCCCCAGCAAATGCCATTGTTATGACCTTGTGCACGCTGTAGCCAATAAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2611_VE_rc|1
ATTGAAACGTGCGCTGAGAGTTTCCATCCTCTCCCTCGTCTTCTTGATCACTGAGCTCTA
>HPV40_Alpha_397014_nt6361_VE_rc|1
ATTGGCCTGCAAGGAAGCAAAATCCATAGCACCAAAGCCAGTATCCACCATGTGCGCCATC
>HPV52_Alpha_397038_nt5731_VE_rc|1
AATAGGGATGTCCTACTGTTAGTAATCGAGAACTGCCTGCATAATAATAGATGCTTGTGC
>HPV10_Alpha_9627257_nt2791_VE_rc|1
TGTCGCTATCCTTTTCATATAGTTCTAGCATTTTGTCTGGCACGCATCTAAACGGTTTCG
>HPV52_Alpha_397038_nt6601_VE_rc|1
CCACAACTGTGACAAACAACTGATTGCCCCAACATATGCCATTATTGTGGCCCTGCGCAC
>HPV58_Alpha_222386_nt6601_VE_rc|1
TGCTACGAGTGGTATCAACCACGGTAACAAATAACTGATTGCCCCAGCAAATGCCATTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt2761_VE_rc|1
TCCTCCCCCTCGTCTTCTTGGTCACCTAGATCTAACTGCTTCCAAAGCCTTTGAAAAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6421_VE_rc|1
CCGTTGGAGCTGGTGGAAACAAAAGCTAATTGCCACTCCTCTAATATTCTGGGATTCATAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt2731_VE_rc|1
ATCTTTTTTCATAAAGGTCTAGCAATTTCTCCTGGCACGCATCTAAACGGTCGGCTAGTGC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6451_VE_rc|1
TGGCTTGTAAGGATGCAAAATCAAGTGCACCAAACCCTGTATCTACCATATCACCATCCT
>HPV97_Alpha_71726694_nt2311_VE_rc|1
TGGCTACCTTGGCATCCGCTAACGGTTCTAACCAAAAATGGCTATTTGAATTTACAAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5701_VE_rc|1
TGGATGGCCAGAAGTTCCAATTCCTAAAGGCCACCTCTACCAATTTCAAGGCCTTCCAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt2701_VE_rc|1
ATACAGTTCTAGTAACGTCTCCTGGCACGCATCTAAACGGCTGGCCAGTGTCTCCATTGT
>HPV9_Beta_9627396_nt2641_VE_rc|1
TGAAACGTGCGCTGAGAGTTTCCATCCTCTCCCTCGTCTTCTTGATCACTCAGATCTAAC
>HPV51_Alpha_333087_nt631_VE_rc|1
TGGTCACGCATATTATCTACTTCATCCTCCTCCTCTGAGCTGTCAAATTGCTCGTAGCAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6541_VE_rc|1
CGGGTGGTATCAACACAGGTAACAAACAATTGATTGCCCCAACAGATACCATTATTATGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6541_VE_rc|1
GATTACCCCAGCATATACCATTGTTATGACCTTGTGCGCGTTGTAACCAATATGGTTTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt2521_VE_rc|1
TCGCTGAGAGCCTCCATCCTCACCTCGTCTTCTTGGTCACTTAGATCTAATTGCCTCCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6661_VE_rc|1
CAGTAACAAACAAGTGATTGCCCCAACATATACCATTATTGTGTCCCTGGGCCTTTTGTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5461_VE_rc|1
GAAATAAGGATGGCCTACAGTTAAAGTCTTTCTGTTCCAGCGTGGAAGTATAGTGATGT
>HPV15_Beta_396924_nt2581_VE_rc|1
CCCTCGTCTTCTTGATCACTGAGCTCTAACTGTCTCCAAAGCCTTTCAAAAAAAGATTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4591_VE_rc|1
CTTACATCACCAAGTAAAGCGGGATTTTCAAATTCAAATTGAACCGCGCGTGAAGGCCGG
>HPV36_Beta_1020218_nt2671_VE_rc|1
TCGCTGAGATTCTCCATTTTCGCCCTCGTCTTCTTGGTCACTGAGTTCTAATTGTGTCCA
>HPV23_Beta_1020186_nt2671_VE_rc|1
CGCTGAGTGCTTCCATCCTCTCCCTCGTCTTCTTGGTCACTGAGTCCCTAATTGTATCCAA
>HPV21_Beta_1020170_nt2701_VE_rc|1
GATTCTCCATTTTCTCCCTCGTCTTCTTGGTCACTCAGCTCTAATTGATTCCAAAGCCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5491_VE_rc|1

CAGGCAATTTTCAGCCTAAACACTCGATATTGGCATGCAGACACCTTAGGAATCTCAATTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5341_VE_rc|1
CCACCATCTTCTATATCATAATATGGGTGTCCACAATTAGTAAACGCTCACTGCGTGCA
>HPV73_Alpha_1491692_nt4141_VE_rc|1
TACCTTCAACCTTGGGAATTACATCAGGAGGGCACGTACCTGCTTGTTTACATGTTTTAT
>HPV12_Beta_396910_nt2641_VE_rc|1
TTGGTCACTCAGGTCTAATTGTGTCCAAAGCCTTTCAAAAAAGATTTCCAGCTTTGGTC
>HPV15_Beta_396924_nt2611_VE_rc|1
TGAAACGTTTCGCTGAGAGTATCCATCGTCTCCCTCGTCTTCTTGATCACTGAGCTCTAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2641_VE_rc|1
TTGTTGCTATCCTTTTCATAAAGGTCTATTAACCTCTCCTGGCACGCATCTAAACGGTCG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1231_VE_rc|1
TACCTCTGTCTCGTAAGTTTCCACTTCAGTATTGCCATATCCACTGTCTGCTCCTCAAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4441_VE_rc|1
AGTGCCCTCAACCTTGGGAATAACATCAGGGGGGCATGTGCCTGCTGCTTGCAGGTTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt1231_VE_rc|1
CATCTGCTGCGTTTCCACTTCAGTATTGCCATACCCGCTGTCTGGAAGTTCAAAGAGTCT
>HPV59_Alpha_557236_nt5161_VE_rc|1
ATCTTCAGCATGTGGTATAGGGCTTATATCATGATAAAAATGTACACGGGCCCCAATTTG
>HPV56_Alpha_397053_nt6511_VE_rc|1
CCCCAGCAAATGCCATTATTATGGCCTTGGGCACGTTGCAACCAATAAGGTTTATTAAAT
>HPVTRX7_Unclassified_30315616_nt5941_VE_rc|1
TCATCCGTGCTTTGCACCCTGGCCACTGGTGTTGATGGTGGTAGATAGACCTTACCGTTA
>HPV11_Alpha_333026_nt2701_VE_rc|1
TCCTGGCACGCATCTAAACGCTTGGCTATTGCTTCCATCTTCTCGTCTCTGAATCCTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2611_VE_rc|1
TCTCCATCTCTCCCTCGTCTTCTTGGTCACTGAGGTCTAATTGTCTCCAAAGCCTTTTA
>HPV81_Alpha_40804509_nt6781_VE_rc|1
AACCAACAAATGCCATTATTATGGCCCTGTGCCCCTGTAGCCAATAAGGCTTATTAAAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6361_VE_rc|1
AAATCCATGGCACCAAAGCCTGCATCAACCATGTCGCCATCCTCAATAACTTCACTTTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt7351_VE_rc|1
TGGTGTGACTTGTTTCGGTTTAGTCACGAACACGGTTAAAAAATGCTTCACATACCACTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5461_VE_rc|1
GGTTCCTGTACATCTTTCCTGGAATAAGGATGGCCTACAGTTAAAAGCCTTTCTGTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4621_VE_rc|1
ATGTCAGCATCAAAGGCGGGATTTTCAAATCCAAATACTATTGCGCGGGAAGGCTGTGTC
>HPV44_Alpha_1020242_nt6601_VE_rc|1
TTCCCCAACAAATACCATTATTGTGGCCCTGCGCCTTTTGCAACCAAAAAAGGCTTATTAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt2791_VE_rc|1
TGTTGCTATCCTTTTCATAAAGTTCTAGCATTTTGTCTGGCACGCATCTAAACGGTTCG
>HPV69_Alpha_6970418_nt6451_VE_rc|1
TGCCATTATTATGACCCTGGGCACGCTGTAACCAGTAAGGTTTATTAAACAATTGAGCAT
>HPV107_Beta_126131393_nt2701_VE_rc|1
TCCCTCGTCTTCTTGGTCACTCAGCTCTAATTGTGTCCAAAGCCTTTCAAAAAAGATTT
>HPV11_Alpha_333026_nt2731_VE_rc|1
CTGTTTTCTTCATAAAGTTCTAACAACCTGATCCTGGCACGCATCTAAACGCTTGGCTATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5581_VE_rc|1
GGACCTAAGTAAAAGCTAGGATTTTCTGTGTCTCCAACCTTATTAAACAAGGGATGACCA
>HPV38_Beta_1020234_nt2611_VE_rc|1
CCATTGTCTCCCTCGTCTTCTTGATCACTGAGCTCTAATTGTGTCCACAGCCTTTTAAAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5731_VE_rc|1
GTATACCTTGCCGTACCAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAAGAATAGGGGACACGTT
>HPV110_Beta_186461194_nt2611_VE_rc|1
TGCAGTGCATTGAAACGATCGCTGAGAGTTCCATCGTCTCCCTCTTCTTCTTGATCACT

>HPV13_Alpha_85827580_nt6631_VE_rc|1
TACCATTATTGTGTCCCTGGGCCTTTTGTAACCAATAAGGTTTATTAAACAACCTGGGCCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6511_VE_rc|1
CAACTGGTTATGCCAACAAATGCCATTATTGTGTCCCTGGGCCTTATGCAACCAATAGGG
>HPV111_Beta_186461202_nt2581_VE_rc|1
AGTGCATTGAAACGTTGCTGAGTGTTCATCCTCTCCCTCGTCTTCTTGATCAGAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5551_VE_rc|1
CAAGGGTACACCTGAATGGTCCTCCTGCAATGTAGCAAAATTCATTGCACCAAAGCCAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5551_VE_rc|1
TCTCCAACCTTATTAAACAAGGGATGACCAGTAGATCCAACACCTAAAGGCCACCTCTC
>HPV59_Alpha_557236_nt2011_VE_rc|1
GCACAATCTTTTAGGTATTTTGCTGGCAGTTGCTTTTAAAAATGCAGCGGCGTTACTA
>HPV65_Gamma_312100_nt4621_VE_rc|1
CGCTCAAATACTTGAGTGATGTGTCAGCGTCAAAGCGGGATTTTCAAATCCAAAACTATT
>HPV52_Alpha_397038_nt2041_VE_rc|1
TTTCTGCCCCTTTATAATGTCTACACATGGTTGCACAGTCCTTTACTATTTTGTCTGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3391_VE_rc|1
ATAACACTAATGGCGGATCCCGAGCTTCTTCTGTAAATCGTCCAAGTCGTGAGTAACCGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6121_VE_rc|1
CGCATCACCCATTGTCCCAGCTCTAACAAAAAGTGTCTTGCATAAAGCTGTTCCCTTCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6121_VE_rc|1
CATTATTTGTTCCCTGGGCTCGTCTAAGCCAATAAGGCCTATTAAATAACTGAGAATCGC
>HPV12_Beta_396910_nt5881_VE_rc|1
TAGTCCTTTGAATGTATTCATCCGTGCTTTGCACCCTGGCCACTGGTGTGATGGTGGTA
>HPV57_Alpha_60882_nt2701_VE_rc|1
AAGTTTGTGCTATCTTTTTCATACAGTTCTAGCAACGTCTCCTGGCACGCATCTAAACG
>HPV43_Alpha_40804474_nt6331_VE_rc|1
GTAGGGAAGCAAAATCCATTGCACCAATCCTGTATCTACCATGTACCATCCTGTATAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6511_VE_rc|1
CACAAGTAATAAAAAGCTGATTATTCCAGCAAATGCCATTATTGTGGCCCTGGGCGCGAT
>HPV65_Gamma_312100_nt5431_VE_rc|1
ATCTTTTACTGGAAAATAAGGATGGCCTACAGTTAAAAGCCTTTCTGTTCCAGCGTGGAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt6481_VE_rc|1
AAATGCCATTATTGTGGCCCTGGGCGCGATGCAACCAATAAGGCTTATTAAAAATCTGAG
>HPV94_Alpha_40804528_nt4441_VE_rc|1
CCAAAGTGGTGCCTTCCACTTTGGGAATAACATCTGGGGGGCATGTGCCTGAGGCTTTGC
>HPV58_Alpha_222386_nt31_VE_rc|1
AAAAAATGTCTGCTTTATATATGCACCGGTTTCGGTCAGACCGTTTTTCGGTTACACCCTA
>HPV30_Alpha_396973_nt5641_VE_rc|1
GTGTAGGAGGCAGGTAAACCTTGGTTTCACTAGGCCGCCACACCGCCATCTGCAAGAAAA
>HPV8_Beta_333074_nt4321_VE_rc|1
CAACTTTATTAATAACATCAGGGGGGCATGTACCTGCCTGTTTGCAGGTTTGATAAATGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6541_VE_rc|1
ATCTACAACCTGTTAAAAACACCTGATTGCCCAACAATACCATTGTTTGGACCCTGGGC
>HPV97_Alpha_71726694_nt6421_VE_rc|1
TAATTGATTATGCCAACAAATACCATTGTTATGGCCCTGGGCCCTATGCAACCAATATGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1741_VE_rc|1
AGCCCTATTTTCCCATCTACTAGTGGTTGCAACCAAAATTGGCTTCTGCTATTTACAAAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6061_VE_rc|1
ACCAAAGTCCATAGCACCATATCCTGTATCAATCATATCGCCATCCTCAATAGGAGTATT
>HPV1_Mu_9626063_nt4711_VE_rc|1
TAATAGACACCTCATCAAGCTCTGGCTCAAATGCTGGATTATCAAAAAGTGACCATTGACT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6541_VE_rc|1
ATGGCCCTGTGCACGTTGCAACCAATAAGGTTTATTAAATAATTGGGCCCTCAGAGGTAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt2221_VE_rc|1

GCCTTGTAATAAATGTATAAGGCTCATGCAAAAATATGACTTGCTGTATTTGGCGGCCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt481_VE_rc|1
CTAGGACTAAAGTACTTTTCGTTTTAGAACTTAAGCTGCTGCGTGTCTCCTCTAGCTGC
>HPV55_Alpha_1020266_nt1051_VE_rc|1
GCTTAAAGGACTCACATATGGACTACCTAAATACTTTTCGTTTTAGGTCTGCACAGCCGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6391_VE_rc|1
CCTGGGCCTTTTGCAACCAATAAGGCTTATTAATAATTTGTGCATCTGAGGATACCATAG
>HPV59_Alpha_557236_nt1261_VE_rc|1
TTCTCCACGGTTACCTGAGTCTCGAGCATTTCCACTTCAGAATAGCCATAGCCGCTGTCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4261_VE_rc|1
GGACAGGTGCTGCCGCTTGCATGTTTGATATAGTTGTGTTGCAGAGGCACGTTTGCGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt2731_VE_rc|1
TTTCATAGAGTTCTAGCATTTTGTCTCTGGCAGCATCTAAACGGCTCGCTAGGTTCTCCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt31_VE_rc|1
AGCTATGGTTTTTGGGTGGTTTATATATGTACCGCTTTCGGTCGGACCGTTTTTCGGTCCC
>HPV42_Alpha_333211_nt1951_VE_rc|1
TTTTGCCTGGCAGTTACTTTTTAAATAATGCAGCAGCATTTGCTATCCCTGTCTGCCCCGTTG
>HPV82_Alpha_6970427_nt631_VE_rc|1
ACGCATATTATCTACTTCATCTCCTCGTCTGAGCTGTCAAATTGCTCGTAGCATTTGCAA
>HPV44_Alpha_1020242_nt1051_VE_rc|1
TAAAGGACTAACATATGGACTACCTAAATACTTTTCGTTTTAGGTCTGCACAGCCGCATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5581_VE_rc|1
TATTGTCACTAGGCCGCCACAAAGCCATCTGCAAAAAAATAGGGAACACGTTTACGTTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2491_VE_rc|1
GAAACCGTGCCTCAGAGTTTCTGTGTCTCCATCTGGGTCATCTTCAGGTAAATCTAAG
>HPV37_Beta_1020226_nt2641_VE_rc|1
GTGCATTGAAACGATCGCTGAGTGTGTCCATCGTCTCCCTCGTCTTCTTGCTCACTGAGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5581_VE_rc|1
TACTTTGTTTTCGCTAGGCCGCCACATAGCCATCTGCAAGAAAATATGGGAAACGTTTAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt91_VE_rc|1
TGGTTTATATATGTACCGCTTTCGGTCTGACCGTTTTTCGGTTACTCCCTTTAGTACAAGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6571_VE_rc|1
TACCTGATTACCCAGCATATGCCATTATTATGGCCCTGTGCACGTTGCAACCAATAAGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6031_VE_rc|1
CTCTCCCATAGCAGGAACACAGCCTATAATACATAACTGTGTTTGCTTATAGTCCACAGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0081_Genome_Tile|1
TTATGCACCAAAAAGAGAAGTGAATGTTTCAGGACCCACAGGAGCGACCCAGAAAGTTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt0101_Genome_Tile|1
GCAATGTTTCAGGACCCACAGGAGCGACCCAGAAAGTTACCACAGTTATGCACAGAGCTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt0121_Genome_Tile|1
GGAGCGACCCAGAAAGTTACCACAGTTATGCACAGAGCTGCAACAACCTATACATGATAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt0141_Genome_Tile|1
CACAGTTATGCACAGAGCTGCAACAACCTATACATGATATAATATTAGAATGTGTGTACT
>HPV16_Alpha_9627100_nt0161_Genome_Tile|1
CAAACAACCTATACATGATATAATATTAGAATGTGTGTACTGCAAGCAACAGTTACTGCGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0201_Genome_Tile|1
GCAAGCAACAGTTACTGCGACGTGAGGTATATGACTTTGCTTTTCGGGATTTATGCATAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt0241_Genome_Tile|1
TTTTTCGGGATTTATGCATAGTATAGAGATGGGAATCCATATGCTGTATGTGATAAATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt0301_Genome_Tile|1
TTTAAAGTTTTATTCTAAATTAGTGAGTATAGACATTATTGTTATAGTTTGTATGGAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt0441_Genome_Tile|1
AAGAAAAGCAAAGACATCTGGACAAAAAGCAAAGATTCCATAATATAAGGGGTGCGGTGGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0461_Genome_Tile|1
GACAAAAAGCAAAGATTCCATAATATAAGGGGTGCGGTGACCGGTGATGTATGTCTTGT

>HPV16_Alpha_9627100_nt0481_Genome_Tile|1
TAATATAAGGGGTCGGTGGACCGGTTCGATGTATGTCTTGTTCAGATCATCAAGAACACG
>HPV16_Alpha_9627100_nt0741_Genome_Tile|1
GTGTGACTCTACGCTTCGGTTGTGCGTACAAAGCACACACGTAGACATTCGTACTTTGGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt1021_Genome_Tile|1
GTAAATGATAATGATTATTTAACACAGGCAGAAACAGAGACAGCACATGCGTTGTTTACT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1061_Genome_Tile|1
CAGCACATGCGTTGTTTACTGCACAGGAAGCAAAACAACATAGAGATGCAGTACAGGTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1101_Genome_Tile|1
TAGAGATGCAGTACAGGTTCTAAAACGAAAGTATTTGGTAGTCCACTTAGTGATATTAGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1121_Genome_Tile|1
TAAAACGAAAGTATTTGGTAGTCCACTTAGTGATATTAGTGGATGTGTAGACAATAATAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1281_Genome_Tile|1
GAAACTCAGCAGATGTTACAGGTAGAAGGGCGCCATGAGACTGAAACACCATGTAGTCAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt1301_Genome_Tile|1
GGTAGAAGGGCGCCATGAGACTGAAACACCATGTAGTCAGTATAGTGGTGGAAAGTGGGGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt1381_Genome_Tile|1
GTGGAAGTGGGGGAGAGGGTGTAGTGAAAGACACACTATATGCCAAACACCACTTACAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt1401_Genome_Tile|1
GTTAGTGAAAGACACACTATATGCCAAACCACTTACAAATATTTTAAATGTACTAAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt1421_Genome_Tile|1
ATGCCAAACCACTTACAAATATTTTAAATGTACTAAAAACTAGTAATGCAAAGGCAGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1441_Genome_Tile|1
ATATTTTAAATGTACTAAAAACTAGTAATGCAAAGGCAGCAATGTTAGCAAAATTTAAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt1501_Genome_Tile|1
AGTTATACGGGGTGAGTTTTTTCAGAATTAGTAAGACCATTTAAAAGTAATAAATCAACGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1561_Genome_Tile|1
GTTGCGATTGGTGTATTGCTGCATTTGGACTTACACCCAGTATAGCTGACAGTATAAAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt1581_Genome_Tile|1
GCATTTGGACTTACACCCAGTATAGCTGACAGTATAAAAAACACTATTACAACAATATTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1601_Genome_Tile|1
TATAGCTGACAGTATAAAAAACACTATTACAACAATATTGTTTATTTTACACATTCAAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt1741_Genome_Tile|1
TGCTGTCTAAACTATTATGTGTGTCTCCAATGTGTATGATGATAGAGCCTCCAAAATTGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt2181_Genome_Tile|1
AAGCAAATTGTTATGTTTTTAAAGGTATCAAGGTGTAGAGTTTATGTCAATTTTAACTGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2201_Genome_Tile|1
AAGGTATCAAGGTGTAGAGTTTATGTCATTTTAACTGCATTAAAAAGATTTTGTCAAGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt2241_Genome_Tile|1
TAAAAAAGATTTTGTCAAGGCATACCTAAAAAAAATTGCATATTACTATATGGTGCAGCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt2321_Genome_Tile|1
TGGTATGAGTTTAAATGAAATTTCTGCAAGGGTCTGTAATATGTTTTGTAAATTCTAAAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt2521_Genome_Tile|1
CATTGGTACAACATAAATGCCCTCCATTATTAATTACATCTAACATTAATGCTGGTACAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt2541_Genome_Tile|1
CCTCCATTATTAATTACATCTAACATTAATGCTGGTACAGATTCTAGGTGGCCTTATTTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2821_Genome_Tile|1
AGTACAGACCTACGTGACCATATAGACTATTGGAAACACATGCGCCTAGAATGTGCTATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt2841_Genome_Tile|1
TATAGACTATTGGAAACACATGCGCCTAGAATGTGCTATTATTACAAGGCCAGAGAAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt2941_Genome_Tile|1
GCTGTATCAAAAGAATAAAGCATTACAAGCAATTGAACTGCAACTAACGTTAGAAACAATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2961_Genome_Tile|1
ATTACAAGCAATTGAACTGCAACTAACGTTAGAAACAATATATAACTCACAATATAGTAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2981_Genome_Tile|1

AACTAACGTTAGAAACAATATATAACTCACAATATAGTAATGAAAAGTGGACATTACAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3001_Genome_Tile|1
TATAACTCACAATATAGTAATGAAAAGTGGACATTACAAGACGTTAGCCTTGAAGTGTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3021_Genome_Tile|1
TGAAAAGTGGACATTACAAGACGTTAGCCTTGAAGTGTATTTAACTGCACCAACAGGATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3081_Genome_Tile|1
TATAAAAAAACATGGATATACAGTGGAAAGTGCAGTTTGATGGAGACATATGCAATACAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3181_Genome_Tile|1
GCATCAGTAACTGTGGTAGAGGGTCAAGTTGACTATTATGGTTTATATTATGTTTCATGAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3201_Genome_Tile|1
GGGTCAAGTTGACTATTATGGTTTATATTATGTTTCATGAAGGAATACGAACATATTTTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3341_Genome_Tile|1
CTACATCTGTGTTTAGCAGCAACGAAGTATCCTCTCCTGAAATTATTAGGCAGCACTTGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3381_Genome_Tile|1
AATTATTAGGCAGCACTTGGCCAACCAACCCCGCCGCGACCCATACCAAAGCCGTCGCCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3421_Genome_Tile|1
CATACCAAAGCCGTCGCCTTGGGCACCGAAGAAACACAGACGACTATCCAGCGACCAAGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3541_Genome_Tile|1
GACAGTGTCTCCAATCCTCACTGCATTTAACAGCTCACACAAAGGACGGATTAACTGTAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3561_Genome_Tile|1
TGCATTTAACAGCTCACACAAAGGACGGATTAACTGTAATAGTAACACTACACCCATAGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3721_Genome_Tile|1
GGACATAATGTAAAACATAAAAGTGCAAATTGTTACACTTACATATGATAGTGAATGGCAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3741_Genome_Tile|1
AAGTGCAAATTGTTACACTTACATATGATAGTGAATGGCAACGTGACCAATTTTTGTCTCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3761_Genome_Tile|1
CATATGATAGTGAATGGCAACGTGACCAATTTTTGTCTCAAGTTAAAATACCAAAAATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3781_Genome_Tile|1
CGTGACCAATTTTTGTCTCAAGTTAAAATACCAAAAATACTATTACAGTGTCTACTGGATTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3801_Genome_Tile|1
AGTTAAAATACCAAAAATACTATTACAGTGTCTACTGGATTTATGTCTATATGACAAATCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3821_Genome_Tile|1
TTACAGTGTCTACTGGATTTATGTCTATATGACAAATCTTGATACTGCATCCACAACATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3841_Genome_Tile|1
ATGTCTATATGACAAATCTTGATACTGCATCCACAACATTACTGGCGTGCTTTTTGCTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3881_Genome_Tile|1
ACTGGCGTGCTTTTTGCTTTGCTTTGTGTGCTTTTGTGTGTCTGCCTATTAATACGTCCG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3901_Genome_Tile|1
GCTTTGTGTGCTTTTGTGTGTCTGCCTATTAATACGTCCGCTGCTTTTGTCTGTGTCTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt3961_Genome_Tile|1
ATACACATCATTAATAATATTGGTATTACTATTGTGGATAACAGCAGCCTCTGCGTTTAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3981_Genome_Tile|1
TGGTATTACTATTGTGGATAACAGCAGCCTCTGCGTTTAGGTGTTTATGTATATATTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4101_Genome_Tile|1
GTATATGTACATAATGTAATTGTTACATATAATTGTTGTATACCATAACTTACTATTTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4121_Genome_Tile|1
TGTTACATATAATTGTTGTATACCATAACTTACTATTTTTCTTTTTTATTTTCATATAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4141_Genome_Tile|1
TACCATAACTTACTATTTTTCTTTTTTATTTTCATATATAATTTTTTTTTTTGTTTGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4161_Genome_Tile|1
TCTTTTTTATTTTCATATATAATTTTTTTTTTTGTTTGTGTTTGTGTTTTTAATAAACT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4181_Genome_Tile|1
AATTTTTTTTTTTGTTTGTGTTGTTTGTGTTTTTAATAAACTGTTATTACTTAACAATGCGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4201_Genome_Tile|1
TGTTTGTGTTTTTAATAAACTGTTATTACTTAACAATGCGACACAAACGTTCTGCAAAACG

>HPV16_Alpha_9627100_nt4341_Genome_Tile|1
TTGAAGGCAAACTATTGCTGAACAAATATTACAATATGGAAGTATGGGTGTATTTTTTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt4461_Genome_Tile|1
GAACAAGGCCTCCCACAGCTACAGATACACTTGCTCCTGTAAGACCCCTTTAACAGTAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt4481_Genome_Tile|1
ACAGATACACTTGCTCCTGTAAGACCCCTTTAACAGTAGATCCTGTGGGCCCTTCTGAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4561_Genome_Tile|1
GGAAGAACTAGTTTTATTGATGCTGGTGCACCAACATCTGTACCTTCCATTCCCCCAGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4581_Genome_Tile|1
ATGCTGGTGCACCAACATCTGTACCTTCCATTCCCCCAGATGTATCAGGATTTAGTATTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4601_Genome_Tile|1
GTACCTTCCATTCCCCCAGATGTATCAGGATTTAGTATTACTACTTCAACTGATACCACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4621_Genome_Tile|1
TGTATCAGGATTTAGTATTACTACTTCAACTGATACCACACCTGCTATATTAGATATTAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4641_Genome_Tile|1
CTACTTCAACTGATACCACACCTGCTATATTAGATATTAATAATACTGTTACTACTGTTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4661_Genome_Tile|1
CCTGCTATATTAGATATTAATAATACTGTTACTACTGTTACTACACATAATAATCCCACT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4841_Genome_Tile|1
GTTAGCACAAACCCTAACACAGTAGTAGCACACCCATACCAGGGTCTCGCCCAGTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5001_Genome_Tile|1
CATATGAAGGTATAGATGTGGATAATACATTATATTTTTCTAGTAATGATAATAGTATTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5021_Genome_Tile|1
GATAATACATTATATTTTTCTAGTAATGATAATAGTATTAATATAGCTCCAGATCCTGAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5201_Genome_Tile|1
AAGGTACATTATTATTATGATTTAAGTACTATTGATCCTGCAGAAGAAATAGAATTACAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5221_Genome_Tile|1
TTTAAGTACTATTGATCCTGCAGAAGAAATAGAATTACAACTATAACACCTTCTACATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5241_Genome_Tile|1
CAGAAGAAATAGAATTACAACTATAACACCTTCTACATATACTACCACTTCACATGCAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5261_Genome_Tile|1
ACTATAACACCTTCTACATATACTACCACTTCACATGCAGCCTCACCTACTTCTATTAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5281_Genome_Tile|1
TACTACCACTTCACATGCAGCCTCACCTACTTCTATTAATAATGGATTATATGATATTTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5301_Genome_Tile|1
CCTCACCTACTTCTATTAATAATGGATTATATGATATTTATGCAGATGACTTTATTACAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5321_Genome_Tile|1
AATGGATTATATGATATTTATGCAGATGACTTTATTACAGATACTTCTACAACCCCGGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5341_Genome_Tile|1
TGCAGATGACTTTATTACAGATACTTCTACAACCCCGGTACCATCTGTACCCTCTACATC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5361_Genome_Tile|1
ATACTTCTACAACCCCGGTACCATCTGTACCCTCTACATCTTTATCAGGTTATATTCCTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5401_Genome_Tile|1
TTTATCAGGTTATATTCCTGCAAATACAACAATTCCTTTTGGTGGTGCATACAATATTCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5421_Genome_Tile|1
CAAATACAACAATTCCTTTTGGTGGTGCATACAATATTCCTTTAGTATCAGGTCCTGATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5461_Genome_Tile|1
TTTAGTATCAGGTCCTGATATACCCATTAATATAACTGACCAAGCTCCTTCATTAATTCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5481_Genome_Tile|1
TACCCATTAATATAACTGACCAAGCTCCTTCATTAATTCCTATAGTTCCAGGGTCTCCAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5501_Genome_Tile|1
CAAGCTCCTTCATTAATTCCTATAGTTCCAGGGTCTCCACAATATACAATTATTGCTGAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6021_Genome_Tile|1
ACAGAAAATGCTAGTGCTTATGCAGCAAATGCAGGTGTGGATAATAGAGAATGTATATCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6121_Genome_Tile|1

AACCACCTATAGGGGAACACTGGGGCAAAGGATCCCCATGTACCAATGTTGCAGTAAATC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6161_Genome_Tile|1
TACCAATGTTGCAGTAAATCCAGGTGATTGTCCACCATTAGAGTTAATAAACACAGTTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6421_Genome_Tile|1
ATAGGGCTGGTACTGTTGGTGAAAATGTACCAGACGATTTATACATTAAAGGCTCTGGGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6461_Genome_Tile|1
ATACATTAAAGGCTCTGGGTCTACTGCAAATTTAGCCAGTTCAAATTATTTTCCTACACC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6641_Genome_Tile|1
TACTACACGCAGTACAAATATGTCATTATGTGCTGCCATATCTACTTCAGAACTACATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6861_Genome_Tile|1
CCCCCAGGAGGCACACTAGAAGATACTTATAGGTTTGTAAACCAGGCAATTGCTTGTCAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6881_Genome_Tile|1
AGATACTTATAGGTTTGTAAACCAGGCAATTGCTTGTCAAAAACATACACCTCCAGCACC
>HPV16_Alpha_9627100_nt6921_Genome_Tile|1
AAACATACACCTCCAGCACCTAAAGAAGATGATCCCCTTAAAAAATACACTTTTTTGGGAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7021_Genome_Tile|1
TTCCTTTAGGACGCAAATTTTTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTACAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7041_Genome_Tile|1
TTACTACAAGCAGGATTGAAGGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7061_Genome_Tile|1
GGCCAAACCAAATTTACATTAGGAAAACGAAAAGCTACACCCACCACCTCATCTACCTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7101_Genome_Tile|1
CCCACCACCTCATCTACCTCTACAACGCTAAACGCAAAAACGTAAGCTGTAAGTATTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7121_Genome_Tile|1
TACAACGCTAAACGCAAAAACGTAAGCTGTAAGTATTGTATGTATGTTGAATTAGTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7141_Genome_Tile|1
AACGTAAGCTGTAAGTATTGTATGTATGTTGAATTAGTGTGTTGTTTGTGTATATGTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7161_Genome_Tile|1
TATGTATGTTGAATTAGTGTGTTGTTGTTGTGTATATGTTTGTATGTGCTTGTATGTGCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7201_Genome_Tile|1
GTATGTGCTTGTATGTGCTTGTAAATATTAAGTTGTATGTGTGTTTGTATGTATGGTATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7241_Genome_Tile|1
GTGTTTGTATGTATGGTATAATAAACACGTGTGTATGTGTTTTTAAATGCTTGTGTAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7261_Genome_Tile|1
ATAAACACGTGTGTATGTGTTTTTAAATGCTTGTGTAACCTATTGTGTGTCATGCAACATAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7281_Genome_Tile|1
TTTTTAAATGCTTGTGTAACCTATTGTGTGTCATGCAACATAAATAAACTTATTGTTTCAACAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7301_Genome_Tile|1
ATTGTGTGTCATGCAACATAAATAAACTTATTGTTTCAACACCTACTAATTGTGTTGTGGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7321_Genome_Tile|1
TAAACTTATTGTTTCAACACCTACTAATTGTGTTGTGGTTATTCATTGTATATAAACTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7341_Genome_Tile|1
CTACTAATTGTGTTGTGGTTATTCATTGTATATAAACTATATTTGCTACATCCTGTTTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7361_Genome_Tile|1
ATTCATTGTATATAAACTATATTTGCTACATCCTGTTTTTGTGTTTATATATACTATATTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7461_Genome_Tile|1
TTGCATGCTTTTTGGCACAAAATGTGTTTTTTTAAATAGTTCTATGTCAGCAACTATGGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7501_Genome_Tile|1
TCTATGTCAGCAACTATGGTTTTAAACTTGTACGTTTCCTGCTTGCCATGCGTGCCAAATC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7541_Genome_Tile|1
CTTGCCATGCGTGCCAAATCCCTGTTTTCTGACCTGCACTGCTTGCCAACCATTCATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7581_Genome_Tile|1
TGCTTGCCAACCATTCATTGTTTTTTTACACTGCACTATGTGCAACTACTGAATCACTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7601_Genome_Tile|1
GTTTTTTTACACTGCACTATGTGCAACTACTGAATCACTATGTACATTGTGTCATATAAAA

>HPV16_Alpha_9627100_nt7621_Genome_Tile|1
TGCAACTACTGAATCACTATGTACATTGTGTCATATAAAATAAATCACTATGCGCCAACG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7641_Genome_Tile|1
GTACATTGTGTCATATAAAATAAATCACTATGCGCCAACGCCTTACATACCGCTGTTAGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7701_Genome_Tile|1
CACATATTTTTGGCTTGTTTTAACTAACCTAATTGCATATTTGGCATAAGGTTTAACTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7741_Genome_Tile|1
TTGGCATAAGGTTTAACTTCTAAGGCCAACTAAATGTCACCCTAGTTCATACATGAACT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7761_Genome_Tile|1
CTAAGGCCAACTAAATGTCACCCTAGTTCATACATGAACTGTGTAAAGGTTAGTCATACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7781_Genome_Tile|1
CCCTAGTTCATACATGAACTGTGTAAAGGTTAGTCATACATTGTTCAATTTGTAAACTGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7801_Genome_Tile|1
GTGTAAAGGTTAGTCATACATTGTTCAATTTGTAAACTGCACATGGGTGTGTGCAAACCG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7821_Genome_Tile|1
TTGTTCAATTTGTAAACTGCACATGGGTGTGTGCAAACCGATTTTGGGTACACATTTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7841_Genome_Tile|1
ACATGGGTGTGTGCAAACCGATTTTGGGTACACATTTACAAGCAACTTATATAATAATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0001_Genome_Tile|1
TTGTTCTACTTCTTACTCATTATTATAAATTATAATGTTTGTATAAGAAATATAGGTGTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0021_Genome_Tile|1
TATTATAAATTATAATGTTTGTATAAGAAATATAGGTGTAACCGAAAACGGTGTAAACCGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0081_Genome_Tile|1
AATGGGTGCATATATAAAGCAATGCTTGGTTCAGCAGATTTAGCTATGTCCAGCGGGGAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0121_Genome_Tile|1
TAGCTATGTCCAGCGGGGACGCATACCCACCAACCTCTTCAGACTGTGTAAACCAGTACG
>HPV71_Alpha_12084981_nt0141_Genome_Tile|1
GCATACCCACCAACCTCTTCAGACTGTGTAAACCAGTACGACGTGGACCTGCAGGACCTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt0201_Genome_Tile|1
AACCTAACCTGCATATTCTGCAGAACAATTAACAGACGTGGAAGTCGTGGCCTTGCATAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0301_Genome_Tile|1
CTGCATGTGCCTGCTGTTTGGAAATAGCTGGAAAATAAGGCAACTTAGATATTGGCAAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0321_Genome_Tile|1
GAAATAGCTGGAAAATAAGGCAACTTAGATATTGGCAATTTTCAGGCTTTGCAAACACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0341_Genome_Tile|1
GCAACTTAGATATTGGCAATTTTCAGGCTTTGCAAACACAGTGGAATTAGACACCGGAAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0361_Genome_Tile|1
TTTTCAGGCTTTGCAAACACAGTGGAATTAGACACCGGAACGCCAGTTACAGAGCAACTAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0381_Genome_Tile|1
GTGGAATTAGACACCGGAACGCCAGTTACAGAGCAACTAATACGGTGCTACGTGTGTAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0401_Genome_Tile|1
GCCAGTTACAGAGCAACTAATACGGTGCTACGTGTGTACAAAGCCATTGTGTAGTGTGGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0421_Genome_Tile|1
TACGGTGCTACGTGTGTACAAAGCCATTGTGTAGTGTGAAAAAGAAAGAATAATTACAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt0441_Genome_Tile|1
AAGCCATTGTGTAGTGTGAAAAAGAAAGAATAATTACAGAAGGCAGGCGATTTTCATAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0541_Genome_Tile|1
AACCATGCGAGGCCAACAATGTACCTTAAAGACATTGTCCTGCAGCTACAGCCAGAGGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0861_Genome_Tile|1
GATGATGATGGGGGCGAAGCGGGAACAGGCGGGGAGGGTGGTTTTTTGTAGAAGCTATT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0901_Genome_Tile|1
GGTTTTTTGTAGAAGCTATTGTGGACAGATGTACCGGCCACAGCCATCCAGTGATGAGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt1141_Genome_Tile|1
TAGACAAAGAGTTAAGCCGCGGCTAGATGCTATATCCATAGGCAGGGAATCCCCAAAAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt1261_Genome_Tile|1

AAGCGGCAGGAAACCAGGTACCAAGGGACGGGACGCCAGGGGGGCTGCACACAGAACAGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt1601_Genome_Tile|1
CATACAACAACAAACATGTTCCCTGGGGAGTGTTATATTAATGCTGTTGCGATATAAGTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt2081_Genome_Tile|1
ACAATGGATATCATTTAGAGTGTCAAATAACAGAAGAAGGGGATTGGCGAACAATAGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt2101_Genome_Tile|1
GTGCTAAAATAACAGAAGAAGGGGATTGGCGAACAATAGTAAAATATTTAAGACACCAGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt2261_Genome_Tile|1
ATCCTATTTTTGCATGAGCCTATTACGGTTTTTGGGTGGGGTTGTCATTTCCCTATGCCAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt2361_Genome_Tile|1
AAATTAGGACTAATAGATGATGTAACCCCTAATTGCTGGAGCTATATAGATGTATATCTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt2441_Genome_Tile|1
TCAAATATGTATAGATAGAAAACACAGGCCATTACTGCAGTTAAAGTGTCCCCCATTGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt2901_Genome_Tile|1
AGCCAAAGCTTGTAAGCAATTGAAATTCAGTTGGCATTAAAGACATTACTTAACAGTCC
>HPV71_Alpha_12084981_nt3021_Genome_Tile|1
TAAGCAATGCTGGAAAAAAAAGGCTACACTGTAGAAGTGCATACGATTGCAAAGAGGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3041_Genome_Tile|1
AAGGCTACACTGTAGAAGTGCATACGATTGCAAAGAGGAAAAGACAATGTGTTACACAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3061_Genome_Tile|1
CGATACGATTGCAAAGAGGAAAAGACAATGTGTTACACATGTTGGAGGGAAATATATGTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3081_Genome_Tile|1
AAAGACAATGTGTTACACATGTTGGAGGGAAAATATATGTGCAAAACAGTACAAATGAGAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt3121_Genome_Tile|1
CAAAACAGTACAAATGAGACATGGGAAAAAGTGTGTGGCCTGGTGGACCATGCGGGCATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3141_Genome_Tile|1
ATGGGAAAAAGTGTGTGGCCTGGTGGACCATGCGGGCATATACTATTTACACGATGGGAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3161_Genome_Tile|1
TGGTGGACCATGCGGGCATATACTATTTACACGATGGGATACGTGTAGACTGTGTATTAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3181_Genome_Tile|1
TACTATTTACACGATGGGATACGTGTAGACTGTGTATTATTCTCCAAGGAAGCAGTAATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3201_Genome_Tile|1
ACGTGTAGACTGTGTATTATTCTCCAAGGAAGCAGTAATATATGGGGACACAGGCATCTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3341_Genome_Tile|1
AAGTACCCACTATTAAACCTACTGACCACGGACCCGACTCGCACCCCCAACAGGCCTCCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3701_Genome_Tile|1
CGTGGCATTGGGCCACTGGCACAGAGGACAATACATGTAAACAACATTTGTAACATTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3761_Genome_Tile|1
GGCATGATAGTGTGGAACAGCGGGCACAATTTCTAGCCACTGTACATATTCCTAAGGGCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3801_Genome_Tile|1
TGTACATATTCCTAAGGGCATAGAGGCCTTACCAGGATATATGTCATTGTTGCATAATC
>HPV71_Alpha_12084981_nt3821_Genome_Tile|1
TAGAGGCCTTACCAGGATATATGTCATTGTTTGCATAATCTTTGTAAATATTGTATATAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3901_Genome_Tile|1
GGAACGTTAAGGGTACACACCTACCTGTAGTGCTGGAGCCCTTTCTATGCTGGGTGTCTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3941_Genome_Tile|1
CTTTCTATGCTGGGTGTCTGCATGGACCTATGCACTACTACTACTAATTAGCTTTTGGCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3961_Genome_Tile|1
CATGGACCTATGCACTACTACTAATTAGCTTTTGGCTGTCTATTTTATCTTCTCTTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3981_Genome_Tile|1
CTACTAATTAGCTTTTGGCTGTCTATTTTATCTTCTCTTACTGCCTTTTAAATTTTTTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4001_Genome_Tile|1
GTCTATTTTATCTTCTCTTACTGCCTTTTAAATTTTTTTTGTACTGTGTTTCTTGGGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4021_Genome_Tile|1
CTGCCTTTTAAATTTTTTTTGTACTGTGTTTCTTGGGTTTCTAGCACTATATATACAGG

>HPV71_Alpha_12084981_nt4061_Genome_Tile|1
TCTAGCACTATATATACAGGCAGCAGCGTCCCTTACCTAACTGTGACTTGTGACTACCAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt4121_Genome_Tile|1
ACAACCAGCCAATACTGCTACTACGTGTACATAACCTATCCATTTGTGTTATAGATTGCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4141_Genome_Tile|1
CTACGTGTACATAACCTATCCATTTGTGTTATAGATTGCATATATGTATCCTGTTGTGGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4181_Genome_Tile|1
TATATGTATCCTGTTGTGGTAAAGGATTCCCAAGGCGGACATTATGATATTGTGGTGTGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt4221_Genome_Tile|1
ATTATGATATTGTGGTGTGGGGCCCTGATGATGTAGATGTATTGTTTGTGTTTTTAGTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4241_Genome_Tile|1
GGCCCTGATGATGTAGATGTATTGTTTGTGTTTTTAGTGTGGTGTGTCTTATGTTGCTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4261_Genome_Tile|1
ATTGTTTGTGTTTTTAGTGTGGTGTGTCTTATGTTGCTTCTGTTTTTGTACGGTTGAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4281_Genome_Tile|1
TGGTGTGTCTTATGTTGCTTCTGTTTTTGTACGGTTGATGCAGTAGGTACCCCCCTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4301_Genome_Tile|1
CTGTTTTTGTACGGTTGATGCAGTAGGTACCCCCCTTTTGTATTGCCCTGTTTATACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4381_Genome_Tile|1
TTATTTGGTTTTTGTTTTTTGTTTTTTGTGTGTGCCTGTGTGTGTAAATAAACACATTTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4781_Genome_Tile|1
AGCAGGAGCACCATATCCTAACTTTACTGGCACAGGTGGGTTTGAGGTCACACAGCATC
>HPV71_Alpha_12084981_nt4861_Genome_Tile|1
TAGACATTACTCCAGGTAACACTGTGCAGGTTAGTAGCAGTAGTTTTACTAACCCATCCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4921_Genome_Tile|1
TTACTGAACCTGCCTTAGTGGAGCCCCCTCAAACAGGTGAGGTTTCGGGACATATTTTGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5141_Genome_Tile|1
GGTGGATGAATCCACATTTCTTCGCCACCTGCATCTATGGTTACATATGACAACCCTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5281_Genome_Tile|1
CCTTGACAGGCCGGCCCTTACTGCCCCGTAAAGGTACGGTACGTTTCAGTCGTTTAGGAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt5401_Genome_Tile|1
ATGACATTAGCCCTATACAACCCACCGAACACTTAGAACTGCAGCCACTAGGGCGGGCCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5421_Genome_Tile|1
CCCACCGAACACTTAGAACTGCAGCCACTAGGGCGGGCCTTACAACAAGAACCTATTGAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt5441_Genome_Tile|1
GCAGCCACTAGGGCGGGCCTTACAACAAGAACCTATTGACACATTATATGACATATATCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5481_Genome_Tile|1
ACATTATATGACATATATCTGACACAGATTATTCCAATGATACTGTCAATCAACCTACTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5501_Genome_Tile|1
GACACAGATTATTCCAATGATACTGTCAATCAACCTACTTCTGTGTCCAGCAGGCCTACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5521_Genome_Tile|1
TACTGTCAATCAACCTACTTCTGTGTCCAGCAGGCCTACACCTACTACTATACCCCTCTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5561_Genome_Tile|1
CCTACTACTATACCCCTCTGTAACCTGCCACATCAGCCGTGTCTGCCTCTCGCACACAAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5601_Genome_Tile|1
TCTGCCTCTCGCACACAAAATGTTACAGCACCTTTGTCTGCAGGAGCAGATGTTCCAGTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5621_Genome_Tile|1
TGTTACAGCACCTTTGTCTGCAGGAGCAGATGTTCCAGTGTTTGATGGCCCTGACATTGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5681_Genome_Tile|1
TTTTTCCACCTCCCATGCCACTACTCCTACTCCTGTAGTGCCGTCCATTGCACCTCCCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt7421_Genome_Tile|1
ATGTATATGTGTTTGTGTGTATATTGTATGTTGTTGTGTACGTGTGTATATACTGTGCG
>HPV71_Alpha_12084981_nt7501_Genome_Tile|1
CATGTTTGTGTTGTTAATAAATGCGTGTATGTATGTGTGTTATTTGGTTGCACCCCTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7561_Genome_Tile|1

GAGTAAGTGTGCAAGCAGATATAACCCCCCTGTCCGGTGACGCCTTACTGACCAGTGAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7721_Genome_Tile|1
TACTATACAATGGGTAATCCTTGTATTGCTTCATATCCTTTCCAACACAGGTGTGCATAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7741_Genome_Tile|1
TTGTATTGCTTCATATCCTTTCCAACACAGGTGTGCATACCATCATAAGGTGTGCCTGGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7801_Genome_Tile|1
AGTTATTTGGCACACTATAAATGCATGTTATAATTAACCTTTAATACATGTGTTACTCACC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7821_Genome_Tile|1
ATGCATGTTATAATTAACCTTTAATACATGTGTTACTCACCGTGCAATACCCATTGTTTGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt7841_Genome_Tile|1
TAATACATGTGTTACTCACCGTGCAATACCCATTGTTTGGGGCATATAGTTGTGCTGACT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7861_Genome_Tile|1
GTGCAATACCCATTGTTTGGGGCATATAGTTGTGCTGACTATGTTTCGCCTAAGTACGTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7921_Genome_Tile|1
TTGGCAACAGCAGTGTAGTTTCTGTCCAAGAATGTGTCTGCTAACTTTTATAATGTACTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7941_Genome_Tile|1
TCTGTCCAAGAATGTGTCTGCTAACTTTTATAATGTACTTAGCAACATGGTTTATACACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt0061_Genome_Tile|1
ATATATAAAGAAACCGTAGGGTCAGCAAAGCACACTCATCTATGGGACCGTGCAATCCAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt0421_Genome_Tile|1
TAAGTATACAGGAAAAGGAGCATCAGGTACAGGCATACATCCACTTCCACTATATAGCTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt1321_Genome_Tile|1
GGGGGGGACGGAGAGGCCGAGGCCACAGGTAACCAGGAAACGCAAGCGCAGGAGCAGGCG
>HPV61_Alpha_9628574_nt1361_Genome_Tile|1
CGCAAGCGCAGGAGCAGGCGGCAGACATATTAGAGGTGTTTAAGGTTAGTAATTTAAAAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt1381_Genome_Tile|1
GCAGACATATTAGAGGTGTTTAAGGTTAGTAATTTAAAAGCAAAATTACTGTACAAATTC
>HPV61_Alpha_9628574_nt2521_Genome_Tile|1
GAGGATCCTACGTTTAAATACCTGCACAGTAGAATAGTGGTGTTCAGTTTTTACATAAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt2561_Genome_Tile|1
TGTTTTAGTTTTTACATAAGTGTCCACTAAACAGTAATGGGGACCCAGTATATACCCTGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt3081_Genome_Tile|1
AGGACCACAAAGCAGTGAATACGTTAGTTGGGGGTATATTTATGTACAAAGCACAGAAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt3101_Genome_Tile|1
TACGTTAGTTGGGGGTATATTTATGTACAAAGCACAGAACTGATCTGTGGTATAAGGTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt3141_Genome_Tile|1
CTGATCTGTGGTATAAGGTTCTTGGAAAAGTGTCATATAAGGGCCTATATTATGAAATGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt3161_Genome_Tile|1
CCTGGAAAAGTGTCATATAAGGGCCTATATTATGAAATGGAGGGACAGGAACACTATTAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt3181_Genome_Tile|1
GGGCCTATATTATGAAATGGAGGGACAGGAACACTATTATGTGACATTTGCACAGGAGGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt3761_Genome_Tile|1
GTTAATGTGGAACAACGAAAACAATTTTAAATCGTGTAAACCATTCCAAAGGGTATACAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt3901_Genome_Tile|1
GCTACAGCTATTTACATACCACACCTGCATTATTGTGTAAACCATAAACAATCCTGGACG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4041_Genome_Tile|1
AGCGCATTTTTGGTGTTTTTCTGTGCCATATATGTAGGATTGTTGTGCATATACATGCAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4141_Genome_Tile|1
ACACTGCTGCTCATATGTAAATAGTGTTCCCTTGTGTCTGTTGTTTCGTTTGCAATATGTAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4161_Genome_Tile|1
ATAGTGTTCCTTGTGTCTGTTGTTTCGTTTGCAATATGTATCCCCTTGTAGTTAGTTCCCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt4181_Genome_Tile|1
TGTTTCGTTTGCAATATGTATCCCCTTGTAGTTAGTTCCCCTCAGGGGTTTGCATTACTGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4201_Genome_Tile|1
CCCCTTGTAGTTAGTTCCCCTCAGGGGTTTGCATTACTGGTTGTGGATCAGCAAACTGC

>HPV61_Alpha_9628574_nt4221_Genome_Tile|1
TCAGGGGTTTGCATTACTGGTTGTGGATCAGCAAACTGCGGATTGTTATTTTTGTTTTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4241_Genome_Tile|1
TTGTGGATCAGCAAACTGCGGATTGTTATTTTTGTTTTTGCTATTACTGCTTATTGCAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4261_Genome_Tile|1
GGATTGTTATTTTTGTTTTTGTCTATTACTGCTTATTGCAATACTGTTGTACAGGCTTTTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4281_Genome_Tile|1
GCTATTACTGCTTATTGCAATACTGTTGTACAGGCTTTTACATTAGGTGGTGTACCTTGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4321_Genome_Tile|1
CATTAGGTGGTGTACCTTGTGTGTTTTCCCTCCCCACAGTTTTTTACTTTGTTATATTTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4361_Genome_Tile|1
TTTTTACTTTGTTATATTTTTTATATGTTTATGGCCTAATAAACATTATGGCTCTTAAACG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4681_Genome_Tile|1
ATCCAGTGGGTGCTGCCGATCCCTCTATAGTTACCCTTGTAGAGGAATCCAGCGTCATTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4761_Genome_Tile|1
ACATTTTCCGGGTCCGGGGGCTTCAATGTCACGTCGTCTTCTACTACCACCCCGGCTGTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4781_Genome_Tile|1
CTTCAATGTCACGTCGTCTTCTACTACCACCCCGGCTGTGTTGGACATTACTCCATCGGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4981_Genome_Tile|1
AAATCCCAATGCACACCTTTGCTACCTCTGAGGGTCCTGGAAGTAGTACCCCGCTGCCTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt5081_Genome_Tile|1
TAAGGCTAACCAACAAATTAAGGTTGCTAACCTACATTTATGTCTGATCCAGCCTCCTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt5381_Genome_Tile|1
ATCGGATGCTGTGGAGTTACAGCCTTTGGTGCCGTCCTCGTCCCTAGTATAACATATGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5421_Genome_Tile|1
TCCCTTAGTATAACATATGATATATATGCTGACCCTGAGGTGTTGGATCTTCCTGCACAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5441_Genome_Tile|1
TATATATGCTGACCCTGAGGTGTTGGATCTTCCTGCACAACATACACAACCCACACTTAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5461_Genome_Tile|1
TGTTGGATCTTCCTGCACAACATACACAACCCACACTTACAGTACAGGGCCCTTCCCTCT
>HPV61_Alpha_9628574_nt5481_Genome_Tile|1
CATACACAACCCACACTTACAGTACAGGGCCCTTCCCTCTCTGCTGCATCTGCATCTACC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5501_Genome_Tile|1
AGTACAGGGCCCTTCCCTCTCTGCTGCATCTGCATCTACCAAGGTACACAATGTCACTGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt5561_Genome_Tile|1
TCCACTGGCCACAGGGCTTGATACGCCTGTGACATCTGGCCCTGATGTTGATTTTGCACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5881_Genome_Tile|1
TCCCGTCTGCTTACTGTAGGACATCCCTATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGGGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt5901_Genome_Tile|1
ACATCCCTATTGTAGTTTGCAGCTTGATGGGCTGCAGGGCAAGAAAAACACTATCCCCAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6281_Genome_Tile|1
GTACTGCTTGTGCTAACCCCGCGCCCCGGCCCACTGACTGTCTCCATTGGAATTTACAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6781_Genome_Tile|1
AGTACTAATTTAACCATTTGTACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6801_Genome_Tile|1
TACTGCTACATCCCCCCTGTATCTGAATATAAAGCCACAAGCTTTAGGGAATATTTGCG
>HPV61_Alpha_9628574_nt6981_Genome_Tile|1
TGTGGTACCACCACCCTCTACCAGTTTAGAAGACACATATAGGTTTTTGCAGTCCAGAGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7261_Genome_Tile|1
CGCAAAAAGCGTAAACAGTAGTGATGTTTGTCTGTATGCTGTTGTTGTGCATGTGTTGTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7321_Genome_Tile|1
TTGTATTGTGCTGTACTGGCCTTGTGCATGTGCTGTTTGTATGGTGCCTGGTTTGTATGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt7361_Genome_Tile|1
ATGGTGCCTGGTTTGTATGACTGTATTTGCTATGGTTGTGTATTGTGTGACCCTGTACTG
>HPV61_Alpha_9628574_nt7381_Genome_Tile|1

CTGTATTTGCTATGGTTGTGTATTGTGTGACCCTGTACTGACCCTTGTCCCCTGTGTTGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7401_Genome_Tile|1
TATTGTGTGACCCTGTACTGACCCTTGTCCCCTGTGTTGTGTATCTGTGGAATGTGTGTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7521_Genome_Tile|1
GAGTAAGTGTGTTTATTGTTGCACGCCTTATTTTGTGCAGCTTCCCCATTTCTGTGTTCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7661_Genome_Tile|1
GCCTTTTTGGTTGTGGCACTATGCCACTGTACACATACCACATCCTGTTTAAACAAACTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7681_Genome_Tile|1
ATGCCACTGTACACATACCACATCCTGTTTAAACAAACTTTATGTGTTGCACCTGGGTGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7701_Genome_Tile|1
CATCCTGTTTAAACAAACTTTATGTGTTGCACCTGGGTGTGTTTGACAGGTTGCTAACAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7741_Genome_Tile|1
GTTTGACAGGTTGCTAACACACACAGTTTGGAAACAATGCTCCATCTATCTTTTTTGACAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7761_Genome_Tile|1
ACACAGTTTGGAAACAATGCTCCATCTATCTTTTTTGACATGTTGTGCAATTACTGTGCTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7841_Genome_Tile|1
GACTACTTTCCTTAATTGCTGGTTTGGCATTGCTTGTATACTTTTCTAGCCAGGAAACT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7861_Genome_Tile|1
TGGTTTGGCATTGCTTGTATACTTTTCTAGCCAGGAACTGTCTTGCAACTTTGGGCATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt7881_Genome_Tile|1
ACTTTTCTAGCCAGGAAACTGTCTTGCAACTTTGGGCATGTTTTACACACATTATGTTAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt0281_Genome_Tile|1
TGCAGCGTGTGTAAAGTGTTTAGAATTTTATGGAAAAGTGAATCAGTATAGGAACTTTAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt0721_Genome_Tile|1
TAAATAGTAACACATTGTGTATTTTGTCACTGTTTAGTTCGCCTAGTAGTCCATTGTAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt0741_Genome_Tile|1
TATTTTGTCACTGTTTAGTTCGCCTAGTAGTCCATTGTACTGCTACTGATATAAGGCAGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt0981_Genome_Tile|1
GGATGCTATAGAGGACAGTGGATATGATATGGTAGATTTTATTAATGATACTGTAGTAAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt1001_Genome_Tile|1
GATATGATATGGTAGATTTTATTAATGATACTGTAGTAAGTGAACATGAAGAACTAAGTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt1341_Genome_Tile|1
AGGTATAGAGGGGGCAGTGGGAGGGCTGCGACAGTTGAAACGGAAGCGGTTGAAGTGCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt1381_Genome_Tile|1
ACGGAAGCGGTTGAAGTGCTAGAAGAAAGCAGTGATGTTATACAGCAACTTAGTCCGCGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt1481_Genome_Tile|1
CTAAACTGTGTGGTAAGTTTAAAGAACTTTTGGAGTGGGCTTTCACGATTTGGTTAGAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt1621_Genome_Tile|1
CATACATTATTAAAAGGACAGGCATTATACTTACATACACAGTGGACAACGTGTAGATGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt1761_Genome_Tile|1
AAATGTACCAGATAATCAACTAATGGTACAACCACCTAAATTACAAAGTTCTGCAGCGGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt2521_Genome_Tile|1
TCATTGGCTGTGATTAAATGTCCTCCATTATTGTTAACATCAAATATAAACATTAAACAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt2541_Genome_Tile|1
TCCTCCATTATTGTTAACATCAAATATAAACATTAAACATGATTGCAAATATCAATATTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt2561_Genome_Tile|1
CAAATATAAACATTAAACATGATTGCAAATATCAATATTTACAGAGTAGAGTGACAGTGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt3341_Genome_Tile|1
ACTGTCGAAGGGCTACCCATTGTTGCGCCTGTTGACATCAGACATCCCGCGGCCACCGAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt3501_Genome_Tile|1
GAGACGGAGACTTGTCCATCAGTGCAGTGGACGGATGTAGTGAAGAAAATACGTGGACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt3821_Genome_Tile|1
CTTGTAATAAATACCTAAACTATTAAACATAGTTTAGGCATGTAACTATAATGTAAATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt3841_Genome_Tile|1
TATTAAACATAGTTTAGGCATGTAACTATAATGTAAATATGTTTGTATATTTGTAAAAA

>HPV7_Alpha_9627389_nt3861_Genome_Tile|1
TGTTAACTATAATGTAAATATGTTTGTATATTTGTAAAAAACATATGTATGGAACGCAAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt3881_Genome_Tile|1
TGTTTGTATATTTGTAAAAAACATATGTATGGAACGCAACTGTGAAGGGTAATGCATATG
>HPV7_Alpha_9627389_nt4001_Genome_Tile|1
TACTAATAGTATATATACTCTGTCTTATAACTGCAATTTTAATATGCATGCATATACCTG
>HPV7_Alpha_9627389_nt4021_Genome_Tile|1
TGTCTTATAACTGCAATTTTAATATGCATGCATATACCTGATTTCTGTGTCTGGAGCTCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4041_Genome_Tile|1
AATATGCATGCATATACCTGATTTCTGTGTCTGGAGCTCTTTGATGGCCACTATTTCTAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4061_Genome_Tile|1
ATTTCTGTGTCTGGAGCTCTTTGATGGCCACTATTTCTATTCTTTGCTTTATAACGTGGG
>HPV7_Alpha_9627389_nt4081_Genome_Tile|1
TTGATGGCCACTATTTCTATTCTTTGCTTTATAACGTGGGGTGCACCTAACATCTATTATT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4101_Genome_Tile|1
TCTTTGCTTTATAACGTGGGGTGCACCTAACATCTATTATTAAACGTATTTTTTTTAGTGTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4141_Genome_Tile|1
AACGTATTTTTTTTAGTGTTGTTAGTGTGGTATTTGCCTGCACTGTTCCCTCATATGTCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4161_Genome_Tile|1
GTTAGTGTGGTATTTGCCTGCACTGTTCCCTCATATGTCAATTGTGTATGCTATACAACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4341_Genome_Tile|1
CATTGTAGGACATTATATGTATACAAATATAGTAAGTAAAATACTGTGTATTAAATAAAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4781_Genome_Tile|1
AGTCTGGGGCTCCTTCGCCAGTAATTCCACAGAGGGTGGGTTTTCAATAACATCATCAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt4821_Genome_Tile|1
GTTTTCAATAACATCATCAGGTACAGATGTCCCTGCAATTTTAGATATATCTTCTACTAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4841_Genome_Tile|1
GTACAGATGTCCCTGCAATTTTAGATATATCTTCTACTAATACAGTACATGTTACATCTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4861_Genome_Tile|1
TTAGATATATCTTCTACTAATACAGTACATGTTACATCTACCACACACCATAACCCATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5081_Genome_Tile|1
TGTCAGCGCGGCCTAAAGTTGGGCTATATAGCAAAGCTTTGCAGCAAGTAGAAATAGTAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt5101_Genome_Tile|1
GGGCTATATAGCAAAGCTTTGCAGCAAGTAGAAATAGTAGATCCAACATTTATGTCCACC
>HPV7_Alpha_9627389_nt5201_Genome_Tile|1
ACATTGAAGATACACTACATTTTGAACAGCCTTCTATTTCATAACGCACCAGATCCTGCCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5221_Genome_Tile|1
TTTGAACAGCCTTCTATTTCATAACGCACCAGATCCTGCCTTTATGGATATCATTACTTTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5261_Genome_Tile|1
TTATGGATATCATTACTTTACATAGGCCTGCCTTGACCTCTAGGCGTGGTGTGGTACGTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5441_Genome_Tile|1
CTCTAGTGGCCTCACCTAATAACAGTGACCTTTTGTATGTTTATGCAGATATAGATGATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5461_Genome_Tile|1
AACAGTGACCTTTTTGTATGTTTATGCAGATATAGATGATATTGATGAAAATATATTATAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5481_Genome_Tile|1
TTATGCAGATATAGATGATATTGATGAAAATATATTATATTCTACTATAGACAATAATAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt5501_Genome_Tile|1
TTGATGAAAATATATTATATTCTACTATAGACAATAATACCAACTTCTACCTATTCCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5521_Genome_Tile|1
TCTACTATAGACAATAATACCAACTTCTACCTATTCCTTGTATCCAGGTAATTCTACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5541_Genome_Tile|1
ACCAACTTCTACCTATTCCTTGTATCCAGGTAATTCTACACGCATAGCAAATACATCTAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5561_Genome_Tile|1
TGTATCCAGGTAATTCTACACGCATAGCAAATACATCTATACCTCTTGCCACAATTCCCTG
>HPV7_Alpha_9627389_nt5901_Genome_Tile|1

ATGCAGGTTAGTACCAGGTTATTAACCATAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5921_Genome_Tile|1
TTAACCATAGGACATCCATATTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5941_Genome_Tile|1
TTTTGAATTGAAAAAGCCTAATGGCGATGTATCGGTGCCTAAAGTGTCTGGACATCAATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6161_Genome_Tile|1
AATAAAGATGAAGATGTGGAAACTCGTCTGTATATGGAACAGTACCTGGTCAGGACAGC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6961_Genome_Tile|1
ATATATACATGCTATGGATTCTTCCTTATTAGATGATTGGAATTTTAAAAATTGGTCCTCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt6981_Genome_Tile|1
CTTCCTTATTAGATGATTGGAATTTTAAAAATTGGTCCTCCAGCGTCTGCAACCTTGGAAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt7021_Genome_Tile|1
AGCGTCTGCAACCTTGGAAGATACTTATAGGTTTCTTACCAATAAAGCCATAGCATGTCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7361_Genome_Tile|1
GTTGTTACTCTGGAATGTATGTATGTGTGTTTATGTATGTGTGTTTGTATATGTTGTTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7421_Genome_Tile|1
ATGTGTGAGAAATGTATTTGTGTGTATGAATGTAATGTATTGTTGTTGTGTTGTTAATAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7461_Genome_Tile|1
GTTGTTGTGTTTGTAAATAATAAATATATTGTGTGTTGTGTGGTAAAGTACTTTCTTTGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7481_Genome_Tile|1
TAAATATATTGTGTGTTGTGTGGTAAAGTACTTTCTTTGTTTAAAAAGTTACTTATTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7601_Genome_Tile|1
CTCATTACATTTGTCTAGCATGTTTTTATAACATGTTTAAAAATTGTTAGCTTTATATAACT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7621_Genome_Tile|1
GTTTTTATAACATGTTTAAAAATTGTTAGCTTTATATAACTATATAAATCCTTCAATTTCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt7641_Genome_Tile|1
ATTGTTAGCTTTATATAACTATATAAATCCTTCAATTTCCACCCATAACCGTTTCCAGTC
>HPV7_Alpha_9627389_nt7681_Genome_Tile|1
ACCCATAACCGTTTCCAGTCTCGGTTGGCAAGTCACCATGTTTGTCTAGCATATTTGCATT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7761_Genome_Tile|1
TCAAAGTTCCCTGCCAAAAATGCCGCCAATATGTACTATTAGGGTGAGGTTGCCACACC
>HPV7_Alpha_9627389_nt7801_Genome_Tile|1
TAGGGTGAGGTTGCCACACCTTTAATTACACTTTTATTGCACTGTTACTCATCTTATTTT
>HPV10_Alpha_9627257_nt3901_Genome_Tile|1
TATTCTAATATGTCAGATATTTCTATACATATATAGATCTATAGGGTGATTGTACATTCT
>HPV10_Alpha_9627257_nt3921_Genome_Tile|1
TTCTATACATATATAGATCTATAGGGTGATTGTACATTCTGGATTTTTACTTGTGTCTGAC
>HPV10_Alpha_9627257_nt4221_Genome_Tile|1
ACTACTGTGTGTAATCATTTTTTGTATATAATAGCACTGTTTGTGTTATATAGACATCTTGG
>HPV10_Alpha_9627257_nt4241_Genome_Tile|1
TTGTTATAATAGCACTGTTTGTGTTATATAGACATCTTGGTGTATTGTAACATAATATGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt4261_Genome_Tile|1
GTGTTATATAGACATCTTGGTGTATTGTAACATAATATGTGGTAGCCTGTACGGATCCCA
>HPV10_Alpha_9627257_nt4281_Genome_Tile|1
TGTATTGTAACATAATATGTGGTAGCCTGTACGGATCCCACATAGGGGGTGTATATCAT
>HPV10_Alpha_9627257_nt4301_Genome_Tile|1
GGTAGCCTGTACGGATCCCACATAGGGGGTGTATATCATATGTTGTTGTGTGTGTACC
>HPV10_Alpha_9627257_nt4321_Genome_Tile|1
CATAGGGGGTGTATATCATATGTTGTTGTTGTGTGTACCCTAGTGTGCTATTGTGGCAC
>HPV10_Alpha_9627257_nt4341_Genome_Tile|1
ATGTTGTTGTTGTGTGTACCTAGTGTGCTATTGTGGCACCATTCTTTTTCTATTTTTGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt4361_Genome_Tile|1
CTAGTGTGCTATTGTGGCACCATTCTTTTTCTATTTTTTGTTTTTTTTTTACAGTTAAAT
>HPV10_Alpha_9627257_nt5501_Genome_Tile|1
GATGATGGTGATGTTGCTTTTACAGAGGGATATCGTAGTACCACACAGTCCAGGGGATAT

>HPV10_Alpha_9627257_nt6621_Genome_Tile|1
GGAGACGCCATCCCAGACACTTTCATATTAAAGAGCAACGGTGGGGGGCGAGACGTTGGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt6821_Genome_Tile|1
AGACACGACTCGCAGTACCAATATGTGCTTGTGTGTTCTTCTGAGGCCTCCCCTGCCAC
>HPV5_Beta_9627145_nt0001_Genome_Tile|1
AACGGTAAGTTGCAATTTCTTGTACCAGGTGCGGTATTGGGATTTTACAATTATAATGG
>HPV5_Beta_9627145_nt0121_Genome_Tile|1
ATAATATCCAATATATGTATACATAAAATAAATATATATATATAAGTGTCTAAGATTGG
>HPV5_Beta_9627145_nt0141_Genome_Tile|1
ACATAAAATAAATATATATATATATAAGTGTCTAAGATTGGGTTCTTCTGTAATCAGGCAA
>HPV5_Beta_9627145_nt0161_Genome_Tile|1
ATATAAGTGTCTAAGATTGGGTTCTTCTGTAATCAGGCAATGGCTGAGGGAGCCGAACAC
>HPV5_Beta_9627145_nt0181_Genome_Tile|1
GTTCTTCTGTAATCAGGCAATGGCTGAGGGAGCCGAACACCAACAGAACTGACAGAAAA
>HPV5_Beta_9627145_nt0201_Genome_Tile|1
TGGCTGAGGGAGCCGAACACCAACAGAACTGACAGAAAAAGATAAGGCAGAATTACCTT
>HPV5_Beta_9627145_nt0221_Genome_Tile|1
CAACAGAACTGACAGAAAAAGATAAGGCAGAATTACCTTTAAGTATTAGAGACTTAGCT
>HPV5_Beta_9627145_nt0241_Genome_Tile|1
AGATAAGGCAGAATTACCTTTAAGTATTAGAGACTTAGCTGAAGCCTTAGGCATCCCTGT
>HPV5_Beta_9627145_nt0261_Genome_Tile|1
TAAGTATTAGAGACTTAGCTGAAGCCTTAGGCATCCCTGTGATTGATTGTTTAATACCTT
>HPV5_Beta_9627145_nt0281_Genome_Tile|1
GAAGCCTTAGGCATCCCTGTGATTGATTGTTTAATACCTTGCAATTTCTGTGGCAACTTT
>HPV5_Beta_9627145_nt0341_Genome_Tile|1
CTAAATTATTTGGAAGCTTGTGAATTCGACTACAAAAGGCTTAGTCTAATTTGGAAAGAT
>HPV5_Beta_9627145_nt0381_Genome_Tile|1
TTAGTCTAATTTGGAAAGATTATTGTGTGTTTTCGTGCTGTGCGTATGCTGTGGCGCCA
>HPV5_Beta_9627145_nt0421_Genome_Tile|1
TCGCGTATGCTGTGGCGCCACTGCAACTTATGAATTTAACCAATTTTATGAGCAGACAGT
>HPV5_Beta_9627145_nt2041_Genome_Tile|1
GAATGTGCATATATGGTACGATTTTATAAGAAGGGACAAATGAGAGACATGAGTATATCT
>HPV5_Beta_9627145_nt2061_Genome_Tile|1
ATTTTATAAGAAGGGACAAATGAGAGACATGAGTATATCTGAATGGATATACACTAAAAT
>HPV5_Beta_9627145_nt2081_Genome_Tile|1
TGAGAGACATGAGTATATCTGAATGGATATACACTAAAATCAATGAAGTAGAAGGGGAAG
>HPV5_Beta_9627145_nt2161_Genome_Tile|1
AAGTTTATTAGATACCAAAATATAAACTTTATTTGTATTCCTAACTGCATTAAAAGAATTC
>HPV5_Beta_9627145_nt2961_Genome_Tile|1
AGTCACTACAGACATCTGATTTTGCTCATGAGCCATGGACTCTAGTTGATACCAGCATAG
>HPV5_Beta_9627145_nt3761_Genome_Tile|1
CAGCGGGCACGAGCCGAAAGTTCAACAACCAGAGGGGGCCGAGGGTCGAGAGGGTCACGA
>HPV5_Beta_9627145_nt4021_Genome_Tile|1
AATCATTTGTCAAAGGGGCGGCTAACACACTGAAAAATGTCCGCAACAGAGCTAAAATTAA
>HPV5_Beta_9627145_nt4181_Genome_Tile|1
TCCTATACTCAAAGGAGAGATTTTGATGAAGCGGTGCGATACCCCAAAGGAGTTGATAAG
>HPV5_Beta_9627145_nt4661_Genome_Tile|1
ATACAGTTAACCCCGTGGAACTACAGCATCATCCGTGGTCCCTCTAACTGAGTCCACAG
>HPV5_Beta_9627145_nt4921_Genome_Tile|1
GAGTCTACTCCAGCACAAAGGGGAATCGTCTCTTGCAGATCACGTTTTGGTGACATCGGGT
>HPV5_Beta_9627145_nt5001_Genome_Tile|1
GGGTGATATAACTGACATAATTGAGTTAGAGGAAATTCCTAGTAGGTATACATTTGAAAT
>HPV5_Beta_9627145_nt5101_Genome_Tile|1
CCACGCAATCAATCTGTAGGCCGTAGGAGGGGTTTCTCTTTGACTAATAGACGTTTAGTA
>HPV5_Beta_9627145_nt5161_Genome_Tile|1

CAGCAGGTACAAGTGGACAATCCATTGTTTCTAACTCAACCATCTAAGTTAGTTCGTTTT
>HPV5_Beta_9627145_nt5441_Genome_Tile|1
TTTACAGAGATCTTAGCTCTATTAATACTGAAGATCCTATTGAATTACAATTATTAGGCC
>HPV5_Beta_9627145_nt5561_Genome_Tile|1
ATATTTCTGAAAATCCATTATCTGAAAGCATTGAAGCATATTCACATGATTTATTATTAG
>HPV5_Beta_9627145_nt5581_Genome_Tile|1
TCTGAAAGCATTGAAGCATATTCACATGATTTATTATTAGATGAAACGGTGGAAAGATTC
>HPV5_Beta_9627145_nt5601_Genome_Tile|1
TTCACATGATTTATTATTAGATGAAACGGTGGAAAGATTTTCAGTGGGTCTCAGCTGGTTAT
>HPV5_Beta_9627145_nt5621_Genome_Tile|1
ATGAAACGGTGGAAAGATTTTCAGTGGGTCTCAGCTGGTTATAGGTAATCGAAGGAGCACAA
>HPV5_Beta_9627145_nt6281_Genome_Tile|1
CTTATTTCAATAAAGTAAAGATACAGAAAACAGTAATGCATACATAACATTTTCTAAAG
>HPV5_Beta_9627145_nt6521_Genome_Tile|1
ACATAGGTTTGGGAACATGAATTTTAAAGGCACTTCAAGATAGTAGATCAGATGTCAGTT
>HPV5_Beta_9627145_nt6961_Genome_Tile|1
ACAAGAAATACTAATTTTCAGTATTTCTGTATATAATCAGGCTGGAGCACTAAAAGATGTT
>HPV5_Beta_9627145_nt7001_Genome_Tile|1
CTGGAGCACTAAAAGATGTTGCAGACTATAATGCAGATCAATTTAGAGAATATCAAAGAC
>HPV5_Beta_9627145_nt7081_Genome_Tile|1
TCTTTAATTCTACAACCTCTGTAAGGTTCCTTTAAAGGCACAGGTATTGGCACAGATCAAT
>HPV5_Beta_9627145_nt7221_Genome_Tile|1
ATATATTGACTCTTTGGCTACACGGTGTCCAGATAAGAATCCTCCGAAAGAAAAGGAAGA
>HPV5_Beta_9627145_nt7441_Genome_Tile|1
GGAACAAAACGCAAACGTAAAAATTGAGGTCTGACCGAAAGTGGTACATTTTTTATAAACT
>HPV5_Beta_9627145_nt7581_Genome_Tile|1
CAGTCAAGTTGTTGCCAATATAGAATCAGATCAGTGCCAAACACACCGTCTTGGACTCAG
>HPV5_Beta_9627145_nt7601_Genome_Tile|1
TAGAATCAGATCAGTGCCAAACACACCGTCTTGGACTCAGAACAGACCGTGTTTCGTTATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0201_Genome_Tile|1
GTCGATCTTGCGGATCTTGCTTTATTCTATCTTAAGAACTTAGTTTAGTATTTAGAGGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0221_Genome_Tile|1
TTTATTCTATCTTAAGAACTTAGTTTAGTATTTAGAGGAAATTGTTATTATGCATGTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt0241_Genome_Tile|1
TTAGTTTAGTATTTAGAGGAAATTGTTATTATGCATGTTGTTCTGAATGCTTAAGATTAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0361_Genome_Tile|1
AAATTGCTCAGAAAAAGATTAAGGAAATTTGCATTAGATGCATTTGCTGCCTTAGATTAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt0381_Genome_Tile|1
AAGGAAATTTGCATTAGATGCATTTGCTGCCTTAGATTACTTGATATTGTTGAGAAATTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0401_Genome_Tile|1
CATTTGCTGCCTTAGATTACTTGATATTGTTGAGAAATTAGATTTATTATACTCTGACGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0681_Genome_Tile|1
GCTATAGATGTGAAGTTGCTGTAAGAATTACATTGTATGCTGCTGAGCTCGGACTACGGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0721_Genome_Tile|1
TGCTGAGCTCGGACTACGGACCTTGAACAACCTTCTGTAGAAGGAAAGCTGACGTTTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt0901_Genome_Tile|1
CGTTGGATGATTTATGCGACGAAAGTAATGACGATTCAAACATTTCTAACTTAATTGATG
>HPV4_Gamma_9626597_nt1381_Genome_Tile|1
TAATAGTTATTTTATAGAGCTGCTGTTGAAGTATTAGAAAGTTCAAAGATTGTTTTAAAGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt1521_Genome_Tile|1
GAAACTGTACAAAAGTTGATGTGTTCTATATTAAATATCCAAGAATATCAAATGTTATGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt2761_Genome_Tile|1
AAGCAAGCTATTCAGATACATTTAACTTTGCAATCATTGTTAAATCTCCCTTTGCATCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt2781_Genome_Tile|1
TTTAACTTTGCAATCATTGTTAAATCTCCCTTTGCATCTGAACGGTGGACATTGACAGA

>HPV4_Gamma_9626597_nt2801_Genome_Tile|1
TAAAAATCTCCCTTTGCATCTGAACGGTGGACATTGACAGATGTTAGTGCAGAACTGATAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3621_Genome_Tile|1
GAACTGGGTGGAGATTGCTCACATAATCATAGTCGCATGCTTATTGCATTTGATAGCAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt3641_Genome_Tile|1
CACATAATCATAGTCGCATGCTTATTGCATTTGATAGCACTGACCAAAGAGACGCTTTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt3661_Genome_Tile|1
CTTATTGCATTTGATAGCACTGACCAAAGAGACGCTTTTGTA AAAACACAACCTTTTTTCCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt3681_Genome_Tile|1
TGACCAAAGAGACGCTTTTGTA AAAACACAACCTTTTTTCCTAAACTGTGTACATATACCTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3701_Genome_Tile|1
TAAAAACACAACCTTTTTTCCTAAACTGTGTACATATACCTACGGCTCATTGAATAGTTTAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt3721_Genome_Tile|1
AAACTGTGTACATATACCTACGGCTCATTGAATAGTTTATAAAATGCAAAGCTTGAGTAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt3741_Genome_Tile|1
CGGCTCATTGAATAGTTTATAAAATGCAAAGCTTGAGTAGAAGGAAAAGAGATTCAGTTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4001_Genome_Tile|1
CCTAGTGGTACTTTAGTAAGGCCTACAGTGCCTGTGGAAAGTTTGGGACCCTCAGAAATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4021_Genome_Tile|1
GCCTACAGTGCCTGTGGAAAGTTTGGGACCCTCAGAAATAATCCCAATAGATGCAATAGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4041_Genome_Tile|1
GTTTGGGACCCTCAGAAATAATCCCAATAGATGCAATAGACCCAACAACATCTTCTGTTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt4061_Genome_Tile|1
ATCCCAATAGATGCAATAGACCCAACAACATCTTCTGTTGTGCCATTAGAGGATCTGACC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4101_Genome_Tile|1
TGCCATTAGAGGATCTGACCATCCAGATGTCACAGTAGATAGTGAGATACAAGAGGAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4121_Genome_Tile|1
ATCCCAGATGTCACAGTAGATAGTGGAGATACAAGAGGAATAGGGGAGACTACTCTTCAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt4141_Genome_Tile|1
TAGTGGAGATACAAGAGGAATAGGGGAGACTACTCTTCAGCCTGCACAAGTAGATATTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt4161_Genome_Tile|1
TAGGGGAGACTACTCTTCAGCCTGCACAAGTAGATATTTCAACATCACATGACCCTATAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt4181_Genome_Tile|1
CCTGCACAAGTAGATATTTCAACATCACATGACCCTATATCAGATGTCACTGGTGCTAGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4281_Genome_Tile|1
CAGTGTTAGATGTGTCCCCTATAGAACCTCCCACAAAACGGATAGCATTGGCAACTAGGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt4301_Genome_Tile|1
ATAGAACCTCCCACAAAACGGATAGCATTGGCAACTAGGGGAGCCTCAGCAACTCCACAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt4321_Genome_Tile|1
GATAGCATTGGCAACTAGGGGAGCCTCAGCAACTCCACATGTAAGTGT CATATCTGGCAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4441_Genome_Tile|1
TTCCATTGGTTATACAGAAGAAATTCCATTAGAACCGTTGAACCCCTTTCAAGAATTCGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4521_Genome_Tile|1
CTAGTACACCACGTGACGTTTTAAATCGTGCAATAGGAAGAGCACGGGATTTATATAATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5041_Genome_Tile|1
TACAGAAGATTTTAGTCAGTCACACTTGGTGCTTACTAGTAGCAGACGTGGGACATCATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5061_Genome_Tile|1
CACACTTGGTGCTTACTAGTAGCAGACGTGGGACATCATTTACTATACCTACAATACCAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5081_Genome_Tile|1
AGCAGACGTGGGACATCATTTACTATACCTACAATACCACCTGGATTAGGTCTTAGAATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5101_Genome_Tile|1
TACTATACCTACAATACCACCTGGATTAGGTCTTAGAATTTATGTAGATGATGTAGGTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5181_Genome_Tile|1
CAGAATCTAGAGTAATACCTGCTGGAGGTTTACCAACTGAGCCATTTGTTTCCTCTAGAAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5201_Genome_Tile|1

GCTGGAGGTTTACCAACTGAGCCATTTGTTCTCTAGAACCCAGCTTTGTTATCTGATATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5241_Genome_Tile|1
CAGCTTTGTTATCTGATATATTTAGTACGGATTTTGTATATCGTCCTAGTTTATATCGCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5601_Genome_Tile|1
CTTTAATTGATAATGGCTTTTATGATTCTGATCATGAACGCCTAGTATGGAACTGAGGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6161_Genome_Tile|1
CCAGAACCTTTTGAAGCTACCTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6181_Genome_Tile|1
CTCAGATTATTTTATTGGTGCTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6201_Genome_Tile|1
CTCAAAACCAACAAGATCAGTACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6221_Genome_Tile|1
TACACTTTAGGACCTCATATTTATGTAGGGACCCCTAGTGGCTCTTTAGTATCCAGTGAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6361_Genome_Tile|1
TGTTACTCTGTAGATAACACTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6381_Genome_Tile|1
CTCATAATACAACTTTACAATTTCTGTGAAGTCAGATGGTCTAATGACAATTATCAGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6401_Genome_Tile|1
ATTTCTGTGAAGTCAGATGGTGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6421_Genome_Tile|1
TGCTAATGACAATTATCAGTATAAAGCTAGTGATTTTAAACAGTACCTCAGACATATAGA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6641_Genome_Tile|1
CAATCTAGAGCTACAAGATGCCCTACACAGACCCCTGCAACTGAAAAAGAAGATCCATAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6781_Genome_Tile|1
TTTATATCAAAGTGGTTTAATTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt6801_Genome_Tile|1
TTAATGGTTCTCTAAAACGTAAAAGAATAATAAGTTCTTCTCATGCACAACTAATACCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6881_Genome_Tile|1
CGGTCTCTGAAATAACAATGTGAACTCTTCTGGAATGTTTTATTCTGCCAGGAAAACCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6901_Genome_Tile|1
TGAACCTCTTCTGGAATGTTTTATTCTGCCAGGAAAACCTTCAACTGAGCCAAATTATTAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6921_Genome_Tile|1
TATTCTGCCAGGAAAACCTTCAACTGAGCCAAATTATTATATAATCGTTCTTAATCTCAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6981_Genome_Tile|1
AATTGAGCTAATTATATAAGATTTGCAAACGTGTATGTATCTGTTTTTGTGAACATAGT
>HPV4_Gamma_9626597_nt7001_Genome_Tile|1
ATTTGCAAACGTGTATGTATCTGTTTTTGTGAACTATAGTGAAATAAACTGCCACATACT
>HPV4_Gamma_9626597_nt7081_Genome_Tile|1
GAGTCATTTGGTCAACATGCGTCCGCACCCCAATAATTATTTGCATACACAGATCAGTAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt7101_Genome_Tile|1
GTCCGCACCCCAATAATTATTTGCATACACAGATCAGTAGGAGAGGCGCCAAGACGGACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt7121_Genome_Tile|1
TTGCATACACAGATCAGTAGGAGAGGCGCCAAGACGGACATATCCTCTTCAAATTCCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt7161_Genome_Tile|1
TATCCTCTTCAAATTCCTTAAATTTATTGAATTTAACAACCTGTAAGCTACAAAAGACCG
>HPV4_Gamma_9626597_nt7201_Genome_Tile|1
CTGTAAGCTACAAAAGACCGTTATCGTTTCTCTAACCTTGGGAAAAAGGTGAGTGAAAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt0061_Genome_Tile|1
GAAAACGGTGTATATAAAAGATGTGAGAAACACACCACAATACTATGGCGCGCTTTGAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt0141_Genome_Tile|1
AAGCTACCTGATCTGTGCACGGAACCTGAACACTTCACTGCAAGACATAGAAATAACCTGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt0161_Genome_Tile|1
GGAACCTGAACACTTCACTGCAAGACATAGAAATAACCTGTGTATATTGCAAGACAGTATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt0501_Genome_Tile|1
CACTATAGAGGCCAGTGCCATTCGTGCTGCAACCGAGCACGACAGGAACGACTCCAACGA

>HPV18_Alpha_9626069_nt1361_Genome_Tile|1
ACTACAAATGGCGAACATGGCGGCAATGTATGTAGTGGCGGCAGTACGGAGGCTATAGAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt1401_Genome_Tile|1
GCAGTACGGAGGCTATAGACAACGGGGGCACAGAGGGCAACAACAGCAGTGTAGACGGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt1441_Genome_Tile|1
CAACAGCAGTGTAGACGGTACAAGTGACAATAGCAATATAGAAAATGTAAATCCACAATG
>HPV18_Alpha_9626069_nt1481_Genome_Tile|1
GAAAATGTAAATCCACAATGTACCATAGCACAAATTAAGACTTGTAAAAAGTAAACAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt1501_Genome_Tile|1
TACCATAGCACAAATTAAGACTTGTAAAAAGTAAACAATAACAAGGAGCTATGTTAGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt1521_Genome_Tile|1
ACTTGTAAAAAGTAAACAATAACAAGGAGCTATGTTAGCAGTATTTAAAGACACATATG
>HPV18_Alpha_9626069_nt2241_Genome_Tile|1
GGGGAGATTGGAGACCAATAGTGCAATTCCTGCGATACCAACAAATAGAGTTTATAACAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt2261_Genome_Tile|1
GTGCAATTCCTGCGATACCAACAAATAGAGTTTATAACATTTTATAGGAGCCTTAAATCA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3281_Genome_Tile|1
CTGTGTAAGTCACAGGGGATTGTATTATGTAAAGGAAGGGTACAACACGTTTTATATAGA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3301_Genome_Tile|1
TGTATTATGTAAAGGAAGGGTACAACACGTTTTATATAGAATTTAAAGTGAATGTGAAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3461_Genome_Tile|1
TCAGCTTGTTAAACAGCTACAGCACACCCCTCACCGTATTCCAGCACCGTGTCCGTGGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt3561_Genome_Tile|1
CCTGGACACTGTGGACTCGCGGAGAAGCAGCATTGTGGACCTGTCAACCCACTTCTCGGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt3581_Genome_Tile|1
GGAGAAGCAGCATTGTGGACCTGTCAACCCACTTCTCGGTGCAGCTACACCTACAGGCAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3601_Genome_Tile|1
CTGTCAACCCACTTCTCGGTGCAGCTACACCTACAGGCAACAACAAAAGACGGAACTCT
>HPV18_Alpha_9626069_nt3701_Genome_Tile|1
CAGAAACAGTTTAAATGTTTACGGTACAGATTGCGAAAACATAGCGACCACTATAGAGA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3721_Genome_Tile|1
TACGGTACAGATTGCGAAAACATAGCGACCACTATAGAGATATATCATCCACCTGGCATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt3761_Genome_Tile|1
TATATCATCCACCTGGCATTGGACAGGTGCAGGCAATGAAAAACAGGAATACTGACTGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt3901_Genome_Tile|1
ACATGACAATGTAATACATATGCTGTAGTACCAATATGTTATCACTTATTTTTTTATTTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4041_Genome_Tile|1
GTATTTGTGTATATTGTGGTAATAACGTCCCTGCCACAGCATTACAGTATATGTATTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4101_Genome_Tile|1
TGTTTTTTTATTGCCCATGTTACTATTGCATATACATGCTATATTGTCTTTACAGTAATTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt4121_Genome_Tile|1
ACTATTGCATATACATGCTATATTGTCTTTACAGTAATTGTATAGGTTGTTTTATACAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4141_Genome_Tile|1
TATTGTCTTTACAGTAATTGTATAGGTTGTTTTATACAGTGTATTGTACATTGTATATTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4161_Genome_Tile|1
TATAGGTTGTTTTATACAGTGTATTGTACATTGTATATTTTGTTTTATACCTTTTATGCT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4181_Genome_Tile|1
GTATTGTACATTGTATATTTTGTTTTATACCTTTTATGCTTTTGTATTTTGTAAATAAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt4541_Genome_Tile|1
GACCCATCTATTGTTACATTAATAGAGGACTCCAGTGTGGTTACATCAGGTGCACCTAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt4621_Genome_Tile|1
TGGGTTTGATATAACATCTGCGGGTACAACCTACACCTGCGGTTTTGGATATCACACCTTC
>HPV18_Alpha_9626069_nt4641_Genome_Tile|1
CGGGTACAACCTACACCTGCGGTTTTGGATATCACACCTTCGTCTACCTCTGTGTCTATTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4661_Genome_Tile|1

GTTTTGGATATCACACCTTCGTCTACCTCTGTGTCTATTTCCACAACCAATTTTACCAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5301_Genome_Tile|1
ATGACATGGACCCTGCAGTGCCTGTACCATCGCGTTCTACTACCTCCTTGCATTTTTTTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5321_Genome_Tile|1
CCTGTACCATCGCGTTCTACTACCTCCTTGCATTTTTTTAAATATTTCGCCCACTATATCT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5341_Genome_Tile|1
TACCTCCTTTGCATTTTTTTAAATATTTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTCCTATAGTAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5361_Genome_Tile|1
AATATTTCGCCCACTATATCTTCTGCCTCTTCCTATAGTAATGTAACGGTCCCTTTAACCT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5421_Genome_Tile|1
CCTCTTGGGATGTGCCTGTATACACGGGTCCTGATATTACATTACCATCTACTACCTCTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5481_Genome_Tile|1
TATGGCCCATTTGTATACCCACGGCCCTGCCTCTACACAGTATATTGGTATACATGGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5981_Genome_Tile|1
TAATAAATTAGATGACACTGAAAGTTCCTATGCCGCCACGTCTAATGTTTCTGAGGACGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6001_Genome_Tile|1
AAAGTTCCCATGCCGCCACGTCTAATGTTTCTGAGGACGTTAGGGACAATGTGTCTGTAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt6441_Genome_Tile|1
ATTAAAGGCACAGGTATGCCTGCCTCACCTGGCAGCTGTGTGTTCTCCCTCTCCAAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6621_Genome_Tile|1
ACTCCAGTACCAATTTAACAATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6641_Genome_Tile|1
AATATGTGCTTCTACACAGTCTCCTGTACCTGGGCAATATGATGCTACCAAATTTAAGCA
>HPV18_Alpha_9626069_nt7081_Genome_Tile|1
CTGCCACTACGTCTTCTAAACCTGCCAAGCGTGTGCGTGTACGTGCCAGGAAGTAATATG
>HPV18_Alpha_9626069_nt7161_Genome_Tile|1
CATCTATTGTTGTGTTTGTATGTCCTGTGTTTGTGTTTGTGTTGTATGATTGCATTGTATGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt7201_Genome_Tile|1
TGTATGATTGCATTGTATGGTATGTATGGTTGTTGTTGTATGTTGTATGTTACTATATTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7221_Genome_Tile|1
TATGTATGGTTGTTGTTGTATGTTGTATGTTACTATATTTGTTGGTATGTGGCATTAAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7281_Genome_Tile|1
AAAATATGTTTTGTGGTTCTGTGTGTTATGTGGTTGCGCCCTAGTGAGTAACAACGTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7321_Genome_Tile|1
CTAGTGAGTAACAACGTATTTGTGTTTGTGGTATGGGTGTTGCTTGTGTTGGGCTATATAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7341_Genome_Tile|1
TTGTGTTTGTGGTATGGGTGTTGCTTGTGTTGGGCTATATATTGTCCTGTATTTCAAGTTAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7541_Genome_Tile|1
GGGCACTGCTCCTACATATTTTGAACAATTGGCGCGCCTCTTTGGCGCATATAAGGCGCA
>HPV18_Alpha_9626069_nt7721_Genome_Tile|1
AATTGCATACTTGGCTTGTACAACACTTTTCATGTCCAACATTCTGTCTACCCTTAACAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7741_Genome_Tile|1
CAACTACTTTCATGTCCAACATTCTGTCTACCCTTAACATGAACTATAATATGACTAAGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0001_Genome_Tile|1
AACGGTAAGTTTTTATTTGTTTGAACCGCTGCCGGTTGCTATATTACTCATTTATCTGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0041_Genome_Tile|1
ATATTACTCATTTATCTGATTGTGGTTTACAACAACCATTCCTTAATTAAATACATGTGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0121_Genome_Tile|1
CCTATAAAATTACTTGAAGAATATTAGAGACACATATACTGATGGAGAGGCCTAGAACAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0141_Genome_Tile|1
ATATTAGAGACACATATACTGATGGAGAGGCCTAGAACAGTACAAGTTCTGAGTCGGCAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0161_Genome_Tile|1
GATGGAGAGGCCTAGAACAGTACAAGTTCTGAGTCGGCATTTAGAAATACCAATAGAAGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0181_Genome_Tile|1
TACAAGTTCTGAGTCGGCATTTAGAAATACCAATAGAAGATTTATTGGTACCATGCAAGT

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0201_Genome_Tile|1
TTAGAAATACCAATAGAAAGATTTATTGGTACCATGCAAGTTTTGTGAGCGCTTTTAAACA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0221_Genome_Tile|1
TTTATTGGTACCATGCAAGTTTTGTGAGCGCTTTTAAACATATATAGAACTTTTGCAATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0261_Genome_Tile|1
TATATAGAACTTTTGCAATTTGATTACAAACAATTGCAACTCATTGGATTGAAGATTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0301_Genome_Tile|1
TCATTTGGATTGAAGATTTAGTGTATGCTCTTTGCTCTAGTTGTGCATATGCATCTGCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0321_Genome_Tile|1
GTGTATGCTCTTTGCTCTAGTTGTGCATATGCATCTGCTGCATTTGAATACAAAATTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0361_Genome_Tile|1
CATTTGAATACAAAATTATTTAGAAGGCACAGTCAAAGGCAGAGAAATAGAGCAGGTGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0381_Genome_Tile|1
TTAGAAGGCACAGTCAAAGGCAGAGAAATAGAGCAGGTGACTCAACAGTCTGTAGGCTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0401_Genome_Tile|1
CAGAGAAATAGAGCAGGTGACTCAACAGTCTGTAGGCTTTATTACTATCAGATGCATTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0421_Genome_Tile|1
CTCAACAGTCTGTAGGCTTTATTACTATCAGATGCATTTATTGTTTAAAGCATCTAGACC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0441_Genome_Tile|1
ATTACTATCAGATGCATTTATTGTTTAAAGCATCTAGACCTTTTAGAAAAGTTAGACAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0761_Genome_Tile|1
CGCCTTCGACTATTTGTGATTGCTACCTTCTTTGGAATCCGCACACAGCAAGAACTTTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0841_Genome_Tile|1
GTGTCCTCAGTGCCGAGAGGTCATTTCGCAATGGCGGACAAGGACCATAAAGGTATTGATG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1121_Genome_Tile|1
CCTCAGTCCTAAAGAGAAAGAGATCCTGCAGCTCAGTCCGCAGCTGGAGTCAATCTCCCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1341_Genome_Tile|1
TATAAAGCGCTGTTAAAGTGCAAGCAATGCAAAAGCAACATTGTTAAAGTAAATTTAAGGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1361_Genome_Tile|1
CAGCAATGCAAAAGCAACATTGTTAAGTAAATTTAAGGATGCGTTTGGAGTGAGTTTTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1381_Genome_Tile|1
TGTTAAGTAAATTTAAGGATGCGTTTGGAGTGAGTTTTAATGAGCTCACAAGGCACTATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1421_Genome_Tile|1
TGAGCTCACAAGGCACTATCAAAGTAATAAGACATGTTGTAGGGATCGGGTTGTTAGTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1481_Genome_Tile|1
TTATGCAGTGAAAGATGATCTGTTAGAAGGGTCTAAGCATTTATTACAAAAGCATTGTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1521_Genome_Tile|1
TTATTACAAAAGCATTGTTTCATATATTTGGATGCATGTTTTACAACCAATGTCATTATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1621_Genome_Tile|1
TTAGATTACTATCTTCTATTTTGCAAGTAAATGAAATTCAAACATTGTCTGAACCACCTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1741_Genome_Tile|1
ATACTTTTGGAACATATCCTGATTGGATAGTGACACAACTATGATTAGCCATCAATCTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1761_Genome_Tile|1
GATTGGATAGTGACACAACTATGATTAGCCATCAATCTTTGGAGGCCACGCAATTTTCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1781_Genome_Tile|1
TATGATTAGCCATCAATCTTTGGAGGCCACGCAATTTCTTTATCTGACATGATACAGTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2121_Genome_Tile|1
TTAGATAAGTTTAGGACATTTTTCGAGAATACACCTAAAAGGAATTGCATTTTATTTTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2141_Genome_Tile|1
TTTGCAGAATACACCTAAAAGGAATTGCATTTTATTTTATGAGGCTCCTGATTCAGGGAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2301_Genome_Tile|1
AAAATAGCACTGCTAGACGATGCTACATATGAGTGTTGGAATTATTTTGATACATTCTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2341_Genome_Tile|1
ATTATTTTGATACATTCTTAAGAAATGGCATTGATGGAAACCCAGTCAGTCTAGATATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2421_Genome_Tile|1

ATACAATTTCCACCTTTAATGATAACATCTAATATAGATATTAATAAAGAAGATAGATAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2441_Genome_Tile|1
GATAACATCTAATATAGATATTAATAAAGAAGATAGATATAGGTATTTGCAAAGTAGAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2461_Genome_Tile|1
TTAATAAAGAAGATAGATATAGGTATTTGCAAAGTAGAATCATGTCATTTGAATTTCCCTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2481_Genome_Tile|1
AGGTATTTGCAAAGTAGAATCATGTCATTTGAATTTCCCTAATAAATTTCCCTTTTGATAGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2761_Genome_Tile|1
CAGGTGCTTTTAAATTATGCAAGGAGGAATGGTGTTATGCGCCTAGGATATCAACCTGTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2881_Genome_Tile|1
CAAAGTTTACAACTTCTGAGTATGCTGATGAACCGTGGAACCTGGTGCAGACTAGCCTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3021_Genome_Tile|1
AAATCTTATGATTTATACTGTATGGACATGGATATATTATCAAAACTCAGATGATAAGTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3081_Genome_Tile|1
GCAAAAGGTAGAAGGTGCTGTGGACTATGAGGGTGCTTACTATACAGAGGGAAACATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3101_Genome_Tile|1
TGGACTATGAGGGTGCTTACTATACAGAGGGAAACATAAGCACTACTACCTTAGATTTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3121_Genome_Tile|1
TATACAGAGGGAAACATAAGCACTACTACCTTAGATTTGAAGCAGATGCTAACAGATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3281_Genome_Tile|1
CCTCCGACACCACATCCCTCCAGCCCTCTTCCAGCGTCTCCACCACACAAAAACGATACG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3401_Genome_Tile|1
AAGGAGACGGAGAAGGAACGCAGGCGACATCGAGACAACGTGTCAGATCAAGATCAAGAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3481_Genome_Tile|1
CAAGAAACCTCAGTCAAACGAGGGAAAGGGCGAGGAGGAGGGTCACGAGGGAGAAGAGAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3761_Genome_Tile|1
ATCAGCTTAAATGCTATCGCTACAGGGTGCATAAAAGGCATAAGGGTGGCTACAAATATG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3821_Genome_Tile|1
TCAGTAGTACTTGGTCATGGATCACAGAACATAACAATGACAGAGTGGGACGCGCTCGGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3841_Genome_Tile|1
ATCACAGAACATAACAATGACAGAGTGGGACGCGCTCGGATGCTTGTTCTGTTTTTCATCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3861_Genome_Tile|1
CAGAGTGGGACGCGCTCGGATGCTTGTTCTGTTTTTCATCAACAGAACAAAGGGAAGCATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3881_Genome_Tile|1
TGCTTGTTCTGTTTTTCATCAACAGAACAAAGGGAAGCATTCTAGACACTATGAAATTAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3941_Genome_Tile|1
CTCAGGGTGTTGATTGGTCTATGGGAATCTTGATAATTTTTTAATTAACCTAACCCTTTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3961_Genome_Tile|1
TATGGGAATCTTGATAATTTTTTAATTAACCTAACCCTTTTTTACTAATTGCATGCTTTTACA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3981_Genome_Tile|1
TTAATTAACCTAACCCTTTTTTACTAATTGCATGCTTTTACACTAATATACTAATCTGCTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4621_Genome_Tile|1
CTGAGTCTACACCAATAGCTGGGGAGTCTTCATTATCAGATCATATATTGGTGTTTGAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4641_Genome_Tile|1
GGGGAGTCTTCATTATCAGATCATATATTGGTGTTTGAAAACACAGGGGGTCAAGCTATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4661_Genome_Tile|1
TCATATATTGGTGTTTGAAAACACAGGGGGTCAAGCTATAGGTGGTACAAGAGAAGAAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4681_Genome_Tile|1
ACACAGGGGGTCAAGCTATAGGTGGTACAAGAGAAGAAATTGAACTACAATCATTACCTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4721_Genome_Tile|1
TGAACCTACAATCATTACCTTCCAGGTATAGCTTTGAAATAGAAGAGGCCACTCCTACTCG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4801_Genome_Tile|1
AAAGAGGTAGGCAAGCTGTTTCTGCTTTACGTAGGGCCTTGACAATCGAAGATTAACCTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4841_Genome_Tile|1
GTACAATCGAAGATTAACCTCAACAGATAGCTGTAGAAGACCCTTTATTTTTTATCCAAACC

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5041_Genome_Tile|1
ATTCTGAAACTCCTCAAGGCTATGTTAGGGTAAGTAGGCTAGGGCGACGCGCTTCCCTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5061_Genome_Tile|1
TATGTTAGGGTAAGTAGGCTAGGGCGACGCGCTTCCCTAAGGACTAGGAGTGGTACTCAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5081_Genome_Tile|1
AGGGCGACGCGCTTCCCTAAGGACTAGGAGTGGTACTCAGGTTGGTGCACAGGTTCAATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5141_Genome_Tile|1
CTACAGGGACCTTAGTACAATTAACACTGAGGAGCCCATAGAATTACAACCTTTTAGGAGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5221_Genome_Tile|1
TTGTACAAGGGCCTGTTGAAAGTACACTTATAGATGTTAATATTAATGAAACACCTAGCC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5241_Genome_Tile|1
AGTACACTTATAGATGTTAATATTAATGAAACACCTAGCCTTTTGGAAACTTCAGAATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5261_Genome_Tile|1
TATTAATGAAACACCTAGCCTTTTGGAAACTTCAGAATTTAATTCTGAAGATTTATTACT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5361_Genome_Tile|1
TTTGGTACATCTAGGAGGTCAACTTCATCTGTTACTGTACCTAGATTCTAGTTCTCCTAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5381_Genome_Tile|1
AACTTCATCTGTTACTGTACCTAGATTCTAGTTCTCCTAGGGAACAAGTTTATATATTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5401_Genome_Tile|1
CTAGATTCTAGTTCTCCTAGGGAACAAGTTTATATATTCAAGATATTGAAGGTTATAATG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6141_Genome_Tile|1
ATGTGAAAATGCAGGAGATCAACAGGGAAAATGTCCACCTATAGAAGTGAATAATCTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6241_Genome_Tile|1
ATAAATTTTAAACTCTATCCCTGAATAGATCAGATGTTAGCTTAGATTTAGTAGACGAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6401_Genome_Tile|1
TTACCAGAGGAGGTAATGTTGGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6421_Genome_Tile|1
GGAGACGCTACTCCAGATGGAGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTACCTCCTAAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6441_Genome_Tile|1
AGCAAATAATCAAGATCATAAATTTTATTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6461_Genome_Tile|1
AATTTTATTACCTCCTAAGTCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTTC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6481_Genome_Tile|1
TCATCACAAAGTCAAACACTAGGAAATTCATTTACTTTCCTACTGTTAGTGGTCTCTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6641_Genome_Tile|1
TTGCTGATAACACTAGAAACACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6661_Genome_Tile|1
ACTAACTTTACCATTTGTGTACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6681_Genome_Tile|1
ACCTTCAGATAATGGTGCTATAACTGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATTTTAAAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6701_Genome_Tile|1
TAACTGAGTATGATTCTAGCAAATTTAGAGAATTTTAAAGGCACGTGGAAGAGTATCAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6761_Genome_Tile|1
TATCTGTAATATTACAAGTGTGTAAAGTATCACTGCAACCTGATGTGCTAGCCCAGATCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6861_Genome_Tile|1
ATTTGTACCAACTCCTGACAATGCAGTACATGACACCTATAGATTTATAAATTCCTCAGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6881_Genome_Tile|1
ATGCAGTACATGACACCTATAGATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6901_Genome_Tile|1
AGATTTATAAATTCCTCAGCCACTAAATGTCCAGATAAGGTTCTGCAAAAGATAGAGAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7021_Genome_Tile|1
TTAGATCAATATCCTTTAGGAAGAAAGTTTTTGTTCCTCAAGCAGGATTACAGAACACCAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7041_Genome_Tile|1
AAGAAAGTTTTTGTTCCTCAAGCAGGATTACAGAACACCAGGGTCAAATCATTAAGCGTAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7081_Genome_Tile|1

GTCAAATCATTAAGCGTAGCAGATCTGTTTCTCGGGGTACTGCAAAACGACGACGGACA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7261_Genome_Tile|1
GTATAATCTGCTTATAAATCGCAGCCGGTACTTCACCTTACAAAGACTTGGCAGTCTGTC
>HPV9_Beta_9627396_nt0141_Genome_Tile|1
CATTTTCATATGACCGCCTTCGTTAATAAGCTTATATAGACATAAATATATAAGGTGCCA
>HPV9_Beta_9627396_nt0161_Genome_Tile|1
CGTTAATAAGCTTATATAGACATAAATATATAAGGTGCCATGTATTTAACAGAGCAGATT
>HPV9_Beta_9627396_nt0181_Genome_Tile|1
CATAAATATATAAGGTGCCATGTATTTAACAGAGCAGATTATGGACAGGCCAAAACCTAG
>HPV9_Beta_9627396_nt0261_Genome_Tile|1
ACACTCTTGATTCCTTTAATAGATTTGTTGATACCTTGTAATTTTGCAATAGATTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt0281_Genome_Tile|1
ATAGATTTGTTGATACCTTGTAATTTTGCAATAGATTTTATCTTATTTTGAGCTACTT
>HPV9_Beta_9627396_nt0301_Genome_Tile|1
TAAATTTTGCAATAGATTTTATCTTATTTGAGCTACTTAATTTTGATCACAAGTGTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt0321_Genome_Tile|1
TATCTTATTTTGAGCTACTTAATTTTGATCACAAGTGTTTACAGCTTATTTGGACAGAGG
>HPV9_Beta_9627396_nt0341_Genome_Tile|1
AATTTTGATCACAAGTGTTTACAGCTTATTTGGACAGAGGAGGATTTGGTGTATGGACTC
>HPV9_Beta_9627396_nt0401_Genome_Tile|1
TGTAGTAGCTGTGCTTATGCGTCTGCACAGTTAGAATTTACACATTTTTTTCAATTTGCT
>HPV9_Beta_9627396_nt0421_Genome_Tile|1
GTCTGCACAGTTAGAATTTACACATTTTTTTTCAATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt0441_Genome_Tile|1
CACATTTTTTTTCAATTTGCTGTAGTTGGAAAAGATATAGAACTGTAGAAGGAACAGCTA
>HPV9_Beta_9627396_nt0481_Genome_Tile|1
AACTGTAGAAGGAACAGCTATTGGAAATATTTGTATTAGGTGTCGCTACTGTTTTAAGTT
>HPV9_Beta_9627396_nt0521_Genome_Tile|1
TGTCGCTACTGTTTTAAGTTATTAGACTTAGTGGAGAAGTTAGCTACATGCTATAAGTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt0541_Genome_Tile|1
ATTAGACTTAGTGGAGAAGTTAGCTACATGCTATAAGTTTGAGCAGTTTTATAAGGTCAG
>HPV9_Beta_9627396_nt0761_Genome_Tile|1
AGTGTCTCACTCCCTACAAGATCGTAGCTGGCTGTGGTTGCGGTGCAAGACTTCGTTTAT
>HPV9_Beta_9627396_nt0781_Genome_Tile|1
ATCGTAGCTGGCTGTGGTTGCGGTGCAAGACTTCGTTTATACGTGCTTGCTACAAATTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt0821_Genome_Tile|1
ACGTGCTTGCTACAAATTTAGGAATTCGAGCGCAACAGGAACTTTTGCTGGGTGATATAC
>HPV9_Beta_9627396_nt1661_Genome_Tile|1
TTAAGCACTTTGCTGCAAGTATCTGAAGTGCAATTATTAAGTGAGCCTCCAAAGTTGCGA
>HPV9_Beta_9627396_nt1881_Genome_Tile|1
ATCATGAATATTTTGATGAAGCTACCATTGCATATCAATATGCAAAGCTGGCTGAAACAG
>HPV9_Beta_9627396_nt2061_Genome_Tile|1
TACATAGAAAACCTGCTTACAGTGGAAAGCAATGGGCAATGGTCAGATATAGTACGGTTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt2121_Genome_Tile|1
TTAGATACCAGGATATTAATTTTATTGAATTTCTAACAGTATTTAAAGCATTTCTGCAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt2281_Genome_Tile|1
GTCATTTGCCAATTGCAAAAGTACTTTTTGGCTACAACCTATAGCTGATACTAACTTGC
>HPV9_Beta_9627396_nt2461_Genome_Tile|1
TCCACCCCTTATGTTAACGTCTAACATAGATATTACTAAAGACCAAAAGTACAAATATTT
>HPV9_Beta_9627396_nt2501_Genome_Tile|1
GACCAAAAGTACAAATATTTGCACAGCAGAGTTAAATCCTTTGCTTTCAATAACAAATTT
>HPV9_Beta_9627396_nt2521_Genome_Tile|1
GCACAGCAGAGTTAAATCCTTTGCTTTCAATAACAAATTTCCACTTGATGCTAATCACAA
>HPV9_Beta_9627396_nt3121_Genome_Tile|1
TTCAAGGTCACGTGGATTATTTTGGAGCCTATTACTTTGAAGGGACTGTAAAAACATATT

>HPV9_Beta_9627396_nt3141_Genome_Tile|1
TTTGGAGCCTATTACTTTGAAGGGACTGTAAAAACATATTATATTAAGTTTGACAAAGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt3161_Genome_Tile|1
AGGGACTGTAAAAACATATTATATTAAGTTTGACAAAGATGCAGCCAGGTATGGCAGAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt3301_Genome_Tile|1
GAGAGACCTCCAAGCACACCCTTTCCAGGTCGGGGTCGCCAACAACATCGCGACTCCCTG
>HPV9_Beta_9627396_nt3441_Genome_Tile|1
AAAAGACAGAGACAAGGAGAAGGAGAAGGAGAAGGAGAAGGAGAAGAAACCAACTACAGG
>HPV9_Beta_9627396_nt3481_Genome_Tile|1
GAGAAGAAACCAACTACAGGAGACAAAGGTCCAGATCCAAGGGTCGAACAGAAACCGAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt3921_Genome_Tile|1
GGGGAAGACAGTTGTGATAGAGTTGGAAGAGCGCAATGATTTTAGCCTTTGACACATAT
>HPV9_Beta_9627396_nt3941_Genome_Tile|1
AGTTGGAAGAGCGCAATGATTTTAGCCTTTGACACATATGAGCACAGACAACAATTCAT
>HPV9_Beta_9627396_nt3961_Genome_Tile|1
TTTTAGCCTTTGACACATATGAGCACAGACAACAATTCATTAGGACTATGAAATTACCAC
>HPV9_Beta_9627396_nt3981_Genome_Tile|1
GAGCACAGACAACAATTCATTAGGACTATGAAATTACCACCTACAGTAGATTGGTCTTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt4021_Genome_Tile|1
CTACAGTAGATTGGTCTTTAGGAAATGTTGATGATCTGTAAGCTTTACTAACGCTAACGC
>HPV9_Beta_9627396_nt4041_Genome_Tile|1
GGAAATGTTGATGATCTGTAAGCTTTACTAACGCTAACGCTGGCATTGCTACTAACCCAT
>HPV9_Beta_9627396_nt4061_Genome_Tile|1
AGCTTTACTAACGCTAACGCTGGCATTGCTACTAACCCATACTAACTAACAAACCCATAC
>HPV9_Beta_9627396_nt4541_Genome_Tile|1
TACACCCAGTACCAGTGGACAATGCTGTAGTAGATACTCCAGTTGTAAACAGAAGGTAGAA
>HPV9_Beta_9627396_nt4561_Genome_Tile|1
AATGCTGTAGTAGATACTCCAGTTGTAACAGAAGGTAGAAGAGGCTCGTCTGCCATTTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt4721_Genome_Tile|1
GTGAATCTTCCTTAGCAGATCATATTATAGTTTTTTGAAGGATCTGGGGGCCAGCTAGTAG
>HPV9_Beta_9627396_nt4741_Genome_Tile|1
CATATTATAGTTTTTTGAAGGATCTGGGGGCCAGCTAGTAGGTGGTCCTAGGGAATCATA
>HPV9_Beta_9627396_nt4761_Genome_Tile|1
ATCTGGGGGCCAGCTAGTAGGTGGTCCTAGGGAATCATACACAGCATCTTCTGAAAACAT
>HPV9_Beta_9627396_nt4781_Genome_Tile|1
GTGGTCCTAGGGAATCATACACAGCATCTTCTGAAAACATAGAATTACAAGAATTTCTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt4881_Genome_Tile|1
GACTAGTACACCTGTCCAAAGAGCAGTACAATCATTATCTAGTCTGCGTAGAGCTCTATA
>HPV9_Beta_9627396_nt4901_Genome_Tile|1
GAGCAGTACAATCATTATCTAGTCTGCGTAGAGCTCTATATAACAGACGTCTTACAGAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt5181_Genome_Tile|1
CCGAAGAGCAACAATCCGCACACGTAGTGGTGCACAGGTGGGCGCACAGGTTCATTTCTA
>HPV9_Beta_9627396_nt5381_Genome_Tile|1
AGGTGGGAAGACAGGAAACCCCTTCTGTTGAAGATGTGGATTTTAATTCTGAAGACTTAC
>HPV9_Beta_9627396_nt5401_Genome_Tile|1
CCTTCTGTTGAAGATGTGGATTTTAATTCTGAAGACTTACTGTTAGATGAGGGTGTAGAA
>HPV9_Beta_9627396_nt5421_Genome_Tile|1
TTTTAATTCTGAAGACTTACTGTTAGATGAGGGTGTAGAAGATTTTAGTGGGTCTCAGCT
>HPV9_Beta_9627396_nt5541_Genome_Tile|1
GGACACTAGTTTTTATATTACAGGATATACAAGGCTACACAGTGTCTATCCCGAGTCTAG
>HPV9_Beta_9627396_nt5561_Genome_Tile|1
AGGATATACAAGGCTACACAGTGTCTATCCCGAGTCTAGACAAACCACAGATATAATTT
>HPV9_Beta_9627396_nt5601_Genome_Tile|1
ACAAACCACAGATATAATTTTTCCACATCCTGACACCCCCACAGTAGTAATCCACATCAA
>HPV9_Beta_9627396_nt5641_Genome_Tile|1

ACAGTAGTAATCCACATCAATGATACATCAGGAGATTATTATTTACACCCAAGTCTCCAA
>HPV9_Beta_9627396_nt5861_Genome_Tile|1
TAGTGACCGTTTGCTAACAGTGGGTCATCCATATTATGATGTCCGCTCAGGCGACGGACA
>HPV9_Beta_9627396_nt5901_Genome_Tile|1
GTCCGCTCAGGCGACGGACAAAGGATTGAAGTCCCTAAAGTGTCTGGTAATCAGTATCGG
>HPV9_Beta_9627396_nt6241_Genome_Tile|1
GAGAACACTGGGATAAAGCCAAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6261_Genome_Tile|1
AAAGTGTGTGAAAAGGATGCTAATAATCAACTAGGCTTATGTCCTCCTATAGAATTAAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt6541_Genome_Tile|1
GTTTCAGTTGGTGACGCTGTTCTTGATGGTGCAGTAAACCAGGATCATAATTTCTTTTTGC
>HPV9_Beta_9627396_nt6601_Genome_Tile|1
CAGCAAAAAGTGATCAACAACAACGAACAATAGCTAATTCACCTACTATCCTACAGTAA
>HPV9_Beta_9627396_nt6621_Genome_Tile|1
CAACGAACAATAGCTAATTCACCTACTATCCTACAGTAAGTGGGTCATTAGTAACTTCA
>HPV9_Beta_9627396_nt6781_Genome_Tile|1
ATACACGTAAACACCAATTTTACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6801_Genome_Tile|1
ACCATTAGTGTGTCTACAGAGGCAGCTCAAACAGAAGAATATAATGCCAATAATATTAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt7021_Genome_Tile|1
ATGATATCTACAGATATATTGATTCAAAGCCACAAAATGCCCAGATGCTGTTGAGCCTA
>HPV9_Beta_9627396_nt7181_Genome_Tile|1
TCTTTTTTCAAGCTGGTTTGCAAACACGAAAACGTCCTATTAAAACATCTGTAAAAACATC
>HPV9_Beta_9627396_nt7201_Genome_Tile|1
AAACACGAAAACGTCCTATTAAAACATCTGTAAAAACATCTAAAAATGCTAAGAGAAGGC
>HPV9_Beta_9627396_nt7241_Genome_Tile|1
TAAAAATGCTAAGAGAAGGCGAACCTAACCGATATCGGTTTCCAATAAAAATTTAAGTTAT
>HPV111_Beta_186461202_nt0201_Genome_Tile|1
CTAGCAATTCCTGTAATAGATTTATTATTACCATGCAACTTTTGCAATAGATTCTTATCT
>HPV111_Beta_186461202_nt0221_Genome_Tile|1
TTTATTATTACCATGCAACTTTTGCAATAGATTCTTATCTTACTTTGAGTTGCTGAGTTT
>HPV111_Beta_186461202_nt0241_Genome_Tile|1
TTTGCAATAGATTCTTATCTTACTTTGAGTTGCTGAGTTTTGATTATAAGTATTTGCAAC
>HPV111_Beta_186461202_nt0261_Genome_Tile|1
TACTTTGAGTTGCTGAGTTTTGATTATAAGTATTTGCAACTGATATGGACTGTTGAAGAC
>HPV111_Beta_186461202_nt0281_Genome_Tile|1
TGATTATAAGTATTTGCAACTGATATGGACTGTTGAAGACTTAGTATATGCTATATGTAG
>HPV111_Beta_186461202_nt0341_Genome_Tile|1
TAGTTGTGCTTTTGCTTCAGCACAGTTTGAATTTATGAAATATTTTGAATACTCTGTTGT
>HPV111_Beta_186461202_nt0361_Genome_Tile|1
CACAGTTTGAATTTATGAAATATTTTGAATACTCTGTTGTAGGAAAAACAGATAGAACTG
>HPV111_Beta_186461202_nt0381_Genome_Tile|1
TATTTTGAATACTCTGTTGTAGGAAAACAGATAGAACTGTAGCAAACCAGCCTATTGGA
>HPV111_Beta_186461202_nt0421_Genome_Tile|1
TAGCAAACCAGCCTATTGGAAATATTACTGTTAGGTGTCAATATTGTTTGAAAAAATTGG
>HPV111_Beta_186461202_nt0441_Genome_Tile|1
AATATTACTGTTAGGTGTCAATATTGTTTGAAAAAATTGGATCTGGTAGAGAAGCTAGGA
>HPV111_Beta_186461202_nt0461_Genome_Tile|1
ATATTGTTTGAAAAAATTGGATCTGGTAGAGAAGCTAGGAGTGTGCTACAAACAACAATA
>HPV111_Beta_186461202_nt0501_Genome_Tile|1
GTGTGCTACAAACAACAATATTTTCATAGAGTTAGGGATAATTGGAAAGGATTGTGCAGA
>HPV111_Beta_186461202_nt0701_Genome_Tile|1
ACTCCTTACAAAATTGTAGTTGCTTGCAATTGTGGTACAAGACTTCGCTTATACGTCTTT
>HPV111_Beta_186461202_nt0741_Genome_Tile|1
GACTTCGCTTATACGTCTTTGCTACGGAACCTGGAATAAGAGCCCCAACAAAGAACTATTAC

>HPV111_Beta_186461202_nt0761_Genome_Tile|1
GCTACGGAACCTTGAATAAGAGCCCAACAAGAACTATTACTGGGTGAAGTACAGCTTGTG
>HPV111_Beta_186461202_nt1301_Genome_Tile|1
GGAGATTGTAAAAGAATTACTTAAATCTAATAATGTGAAAGCTGTGTTACTGGCTAAATT
>HPV111_Beta_186461202_nt1421_Genome_Tile|1
ATGTTGTAGAGATTGGGTAATTAGTATTTATGCAGCTAATGGCGATCTTGTAGAAGGTTT
>HPV111_Beta_186461202_nt1441_Genome_Tile|1
TTAGTATTTATGCAGCTAATGGCGATCTTGTAGAAGGTTCTAAGCAATTGTTGATACAGC
>HPV111_Beta_186461202_nt1581_Genome_Tile|1
ACTGTACTACGATTATTAAGCACAAATATTACAAGTATCAGAAGTGCAGGTATTGGCAGAT
>HPV111_Beta_186461202_nt1601_Genome_Tile|1
CACAATATTACAAGTATCAGAAGTGCAGGTATTGGCAGATCCTCTAAATTGCGCAGCGT
>HPV111_Beta_186461202_nt1701_Genome_Tile|1
AATGTGTATGCTCACGGTACATACCCAGATTGGATATTAGCACAAACAATGATCAATCAT
>HPV111_Beta_186461202_nt1921_Genome_Tile|1
TTGTCAGGGAATGTGCTACTATGGTAAGACATTATATTCGAGGGGAGATGCGAGAGATGA
>HPV111_Beta_186461202_nt2061_Genome_Tile|1
TATCAAGGAATAAATTTTATAGATTTTCTTCTGTATTTACTAAGTTTTTACATAATAGG
>HPV111_Beta_186461202_nt2101_Genome_Tile|1
CTAAGTTTTTACATAATAGGCCCTAAGCAAACTGCATATTGCTTCATGGACCACCAGATA
>HPV111_Beta_186461202_nt2161_Genome_Tile|1
CTGGTAAATCTATGTTTACCATGTCTCTCATTAATGTTCTTAAAGGTAAAGTGCTCTCTT
>HPV111_Beta_186461202_nt2181_Genome_Tile|1
ATGTCTCTCATTAATGTTCTTAAAGGTAAAGTGCTCTCTTTTTGCAAATTGTAGAAGTACT
>HPV111_Beta_186461202_nt2301_Genome_Tile|1
TGTTGGGATTATATTGATAATTATTTGCGTAATGGATTAGATGGCAATGTTGTCTGTTTA
>HPV111_Beta_186461202_nt2361_Genome_Tile|1
GACATAAAACATAGAGCACCTTGTCAAGTAAAATTTCCCCACTATTATTAACATCAAAC
>HPV111_Beta_186461202_nt2381_Genome_Tile|1
TTGTCAAGTAAAATTTCCCCACTATTATTAACATCAAACATAGATATATCCAAGGAGCA
>HPV111_Beta_186461202_nt2441_Genome_Tile|1
GAAGCATAAATATTTACATAGCAGAATTAAATGCTTTGCTTTTACTAACAAGTTCCCTT
>HPV111_Beta_186461202_nt2701_Genome_Tile|1
ACATTGGCAAGCATTGAGACAAGAGCAAGTTTTATTGTACTTTGCTCGAAAAAATGGAGT
>HPV111_Beta_186461202_nt2961_Genome_Tile|1
AAGTAATCTTTGATGGCGATCCAGAGAATCTAATGAGCTATACAGTATGGAAAGATATAT
>HPV111_Beta_186461202_nt2981_Genome_Tile|1
CCAGAGAATCTAATGAGCTATACAGTATGGAAAGATATATATTATCAAACCTGTGACTGAC
>HPV111_Beta_186461202_nt3061_Genome_Tile|1
CCAAGTGGATTATTTTCGAGCCTTTTATTTTGAAGGGGCTTTGAAAACCTTATTATATTGA
>HPV111_Beta_186461202_nt3221_Genome_Tile|1
CCTGGAGACGGGGCCAGTGGAGAGGCCTCCGGCAACACCTCATCCAGGCCGCAATCACCA
>HPV111_Beta_186461202_nt3361_Genome_Tile|1
CACCACCACGCGGCAAGAAAGACAAAGAAAAAGACAAAAGCCATTACAAGGAAATCAAG
>HPV111_Beta_186461202_nt3841_Genome_Tile|1
AGTAGGCAGATCTAGAATGCTTTTAGCTTTTGATACATACAAACATCGAGAACAGTTTAT
>HPV111_Beta_186461202_nt3861_Genome_Tile|1
TTTTAGCTTTTGATACATACAAACATCGAGAACAGTTTATCACTACTATGAAATTACCAC
>HPV111_Beta_186461202_nt3921_Genome_Tile|1
CTAAGGTAGACTGGTCATTTGGACATTTAGATGATTTATAATTTACTTACTAATTATGC
>HPV111_Beta_186461202_nt3961_Genome_Tile|1
ATTTACTTACTAATTATGCATTGCTACTAACACACTAACAAATAATGGCTAGGGCAAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt4281_Genome_Tile|1
TCCAGAGGTAATAGGCCCTGCAGAGTTAATACCTATAGACACAGTCAGACCCATTGACCC
>HPV111_Beta_186461202_nt4621_Genome_Tile|1

ATTGTGTTTGAAGGCTCTGGAGGACAGTTGGTTGGAGGTGCTCGAGAACCCTCCATAGTT
>HPV111_Beta_186461202_nt4641_Genome_Tile|1
AGGACAGTTGGTTGGAGGTGCTCGAGAACCCTCCATAGTTACTGAAACTATAGAAGTACA
>HPV111_Beta_186461202_nt4661_Genome_Tile|1
CTCGAGAACCCTCCATAGTTACTGAAACTATAGAAGTACAAGAATTACCTTCTAGATACA
>HPV111_Beta_186461202_nt4781_Genome_Tile|1
AATCACTTAGTACTTTAAGAAGAGCACTGTACAATAGACGTTTGACAGAGCAGGTAGCTG
>HPV111_Beta_186461202_nt4801_Genome_Tile|1
AGAGCACTGTACAATAGACGTTTGACAGAGCAGGTAGCTGTAAGTACCCCTTTATTCTTA
>HPV111_Beta_186461202_nt4821_Genome_Tile|1
TTTGACAGAGCAGGTAGCTGTAAGTACCCCTTTATTCTTAACAAAACCTTCACGTCTTGT
>HPV111_Beta_186461202_nt4841_Genome_Tile|1
TAACTGACCCCTTTATTCTTAACAAAACCTTCACGTCTTGTACACTTTCAGTTTGATAATC
>HPV111_Beta_186461202_nt5121_Genome_Tile|1
AAGTAGCATTAACACTGAAGCACCAATAGAAATGGAATTATTAGGTGAACATTCTGGAGA
>HPV111_Beta_186461202_nt5161_Genome_Tile|1
TTAGGTGAACATTCTGGAGATAGCACTATTTTCAAGGACCAGTAGAGAGTTCTTTAGTA
>HPV111_Beta_186461202_nt5181_Genome_Tile|1
TAGCACTATTTTCAAGGACCAGTAGAGAGTTCTTTAGTAGATGTTAATATTGATGAACC
>HPV111_Beta_186461202_nt5241_Genome_Tile|1
TGACGCCTTGGTTGTAGGCAGACCGGAAACCCCTCCATTAGAAGATGAAATAGATTTTAA
>HPV111_Beta_186461202_nt5281_Genome_Tile|1
GAAGATGAAATAGATTTTAAATTCAGAAGATTTGTTATTGGAGGAAGGGGTAGAAGATTTT
>HPV111_Beta_186461202_nt5301_Genome_Tile|1
TTCAGAAGATTTGTTATTGGAGGAAGGGGTAGAAGATTTTAGTGGCTCACAACTTGTAGT
>HPV111_Beta_186461202_nt5321_Genome_Tile|1
AGGAAGGGGTAGAAGATTTTAGTGGCTCACAACTTGTAGTAGGTACTAGGCGAAGCACAA
>HPV111_Beta_186461202_nt5341_Genome_Tile|1
AGTGGCTCACAACTTGTAGTAGGTACTAGGCGAAGCACAAATACATTAACAGTTCCCCGC
>HPV111_Beta_186461202_nt5481_Genome_Tile|1
TGAAAATATTATTTTCTCATCCAGAAGCTCCACAGTTGTGATTACATATCAGATAC
>HPV111_Beta_186461202_nt5501_Genome_Tile|1
ATCCAGAAGCTCCACAGTTGTGATTACATATCAGATACTTCTGGTGATTATTATTTAC
>HPV111_Beta_186461202_nt6301_Genome_Tile|1
AAGTATGTAAATACCCTGACTTCCTAACTATGGCTAATGACGTCTATGGGGACGCTTGT
>HPV111_Beta_186461202_nt6421_Genome_Tile|1
TAGGAGATGCAATTCCAGATGCAGCAGTGCACAAAATCACAATTATTATCTGCCAGCAC
>HPV111_Beta_186461202_nt6461_Genome_Tile|1
CAATTATTATCTGCCAGCACAGGGTAATCAACAACAAAACATTTTGGGTAAGTCCATTTA
>HPV111_Beta_186461202_nt6641_Genome_Tile|1
AACAGTAGCAGATAATACCAGAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAA
>HPV111_Beta_186461202_nt6661_Genome_Tile|1
GAAACACTAATTTTACTATAAGCGTATCCACAGAAGCTAATGCACAGCAATATAATGCTA
>HPV111_Beta_186461202_nt6741_Genome_Tile|1
AGACATGTAGAAGAATATCAATTGTCTTTGATTCTTCAACTATGTAAAGTTTCTTTAGTT
>HPV111_Beta_186461202_nt6761_Genome_Tile|1
ATTGTCTTTGATTCTTCAACTATGTAAAGTTTCTTTAGTTCCAGAAGTTTATCTCAAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt7061_Genome_Tile|1
GGCTGGTTTACAAACACGAAACGGACTTTAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTAAATC
>HPV111_Beta_186461202_nt7081_Genome_Tile|1
AACGGACTTTAAACCTTCGTCTGTGAAATCTACTAAATCTGCAAAACGCAGACGCACCT
>HPV110_Beta_186461194_nt0081_Genome_Tile|1
TTATAGCTACATGTAACCGCATGCGTTACAATTTAGGTACATCTACATAAATATATTTCT
>HPV110_Beta_186461194_nt0201_Genome_Tile|1
ACAGCTTGCAGATACATTATGCATTCTGTTTTAGACATATTAATACCGTGTAGATTTTG

>HPV110_Beta_186461194_nt0221_Genome_Tile|1
GCATTCCTGTTTTAGACATATTAATACCGTGTAGATTTTGTACTAGGTTTTATCATATA
>HPV110_Beta_186461194_nt0241_Genome_Tile|1
TTAATACCGTGTAGATTTTGTACTAGGTTTTATCATATATAGAATTATTAGGTTTTGAT
>HPV110_Beta_186461194_nt0261_Genome_Tile|1
TACTAGGTTTTATCATATATAGAATTATTAGGTTTTGATTATAAAGGGTTACAACCTTAT
>HPV110_Beta_186461194_nt0381_Genome_Tile|1
ATATGAATTTACAAGGTTTTATGAACATTCTGTAAATGGACGTGAAATAGAAATAGTAGA
>HPV110_Beta_186461194_nt0401_Genome_Tile|1
ATGAACATTCTGTAAATGGACGTGAAATAGAAATAGTAGAGCAAAAAGGAATTGGGGAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt0461_Genome_Tile|1
TGGTTGTGCGTTGCCAATATTGTTTAAACCGTCTAGATCTAATAGAGAAGCTAGAAGTTT
>HPV110_Beta_186461194_nt0481_Genome_Tile|1
TGTTTAAACGTCCTAGATCTAATAGAGAAGCTAGAAGTTTGTGTGAAGCATCAGCAATTT
>HPV110_Beta_186461194_nt0741_Genome_Tile|1
GCTTGTGGCCTTTGTGGTGCAGCTTCCGGCTTTTTGTGCTTGCAACAGTTTTTGAATT
>HPV110_Beta_186461194_nt0781_Genome_Tile|1
TTGCAACAGTTTTTGAATTTCGTACTCAGCAAGAAATTTGCTTGGTGAAGTACAGCTGC
>HPV110_Beta_186461194_nt1341_Genome_Tile|1
CTTACTTAAATGCAGCAATGTAAAGGCTGTATTATTGGCCAAATTTAAGGAATCATTTGG
>HPV110_Beta_186461194_nt1601_Genome_Tile|1
GAGACACTGTTTGTAGATTGCTAATGAGTCTCTTGCAAATTGGAGAGATTCAATTAATAG
>HPV110_Beta_186461194_nt1621_Genome_Tile|1
CTAATGAGTCTCTTGCAAATTGGAGAGATTCAATTAATAGCTGAGCCACCAAAGTTAAGA
>HPV110_Beta_186461194_nt2061_Genome_Tile|1
GTCGCATATAGTTAAATTTTTACGGTTTCAGGAAATTAATTTTATTTACTTTCTTGATGT
>HPV110_Beta_186461194_nt2081_Genome_Tile|1
TACGGTTTCAGGAAATTAATTTTATTTACTTTCTTGATGTATTTAAAGCTTTTTTGCATA
>HPV110_Beta_186461194_nt2121_Genome_Tile|1
ATTTAAAGCTTTTTTGCATAATACTCCTAAACAAAATTTGTATACTAATACATGGACCTCC
>HPV110_Beta_186461194_nt2341_Genome_Tile|1
GATAAATATCTTAGAAATGTATTAGATGGGAATGTTGTTTGTCTGGATATGAAACATAAA
>HPV110_Beta_186461194_nt2361_Genome_Tile|1
ATTAGATGGGAATGTTGTTTGTCTGGATATGAAACATAAAGCTCCATGCCAATTAAATTT
>HPV110_Beta_186461194_nt2401_Genome_Tile|1
GCTCCATGCCAATTAAATTTTCTCCTTTATTATTAAACATCCAATATGGATATAATGAAA
>HPV110_Beta_186461194_nt2781_Genome_Tile|1
ATGGCATAATGAGATTGGGGTATCAGTTGGTACCACCATTAGCTACCAGTGAAGCTAAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt2881_Genome_Tile|1
GCAAAGGTCTCCTTATGCTTCTGAGTCATGGACATTAATGCAGACTAGTTTGAAGCAGT
>HPV110_Beta_186461194_nt3001_Genome_Tile|1
CAGTGATCCAGAGAATCTAATGTCATACACATTATGGTCATTCATTTATTATCAAAGAGT
>HPV110_Beta_186461194_nt3021_Genome_Tile|1
TGTCATACACATTATGGTCATTCATTTATTATCAAAGAGTAGATGATACTTGAACAAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt3301_Genome_Tile|1
ATCAACCGTCGCGCGACGGTCTGCCTCCCCCTGCCACCCGAACCACCACACAACGGTC
>HPV110_Beta_186461194_nt3501_Genome_Tile|1
GGGATCGACGCAGAAGGAGGGGAGGAGACTCCTCCACCAGGAGCCACTCCTCCAACAGGG
>HPV110_Beta_186461194_nt3601_Genome_Tile|1
CCAATCTCGCTCCAAATCAAGGTCGAGATCCAGAGGCCCTTCTACCAGGCGTGGCGTCTC
>HPV110_Beta_186461194_nt3761_Genome_Tile|1
TTGCGCGGCGCTGCTAACACCTTAAAGTGCTATCGCTACAGAGCTAAAAAGAAGTATAGT
>HPV110_Beta_186461194_nt3781_Genome_Tile|1
CTTAAAGTGCTATCGCTACAGAGCTAAAAAGAAGTATAGTGCTTTAGTGAAATACCTTTAG
>HPV110_Beta_186461194_nt3801_Genome_Tile|1

GAGCTAAAAAGAAGTATAGTGCTTTAGTGAAATACTTTAGCACTACATGGTCTTGGGTTG
>HPV110_Beta_186461194_nt3861_Genome_Tile|1
GGGGCGACAATAATGATAGAATAGGGCGTGCTAGAATGCTATTAGCTTTAGCTCAAATA
>HPV110_Beta_186461194_nt4481_Genome_Tile|1
CAGATAATGTGCCAGTAGACACACCAGTTGTTTCAGGTGGCCGCGGTTCTGCAGCTGTAC
>HPV110_Beta_186461194_nt4501_Genome_Tile|1
ACACCAGTTGTTTCAGGTGGCCGCGGTTCTGCAGCTGTACTAGAAAGTTGCAGATCCTAGC
>HPV110_Beta_186461194_nt4621_Genome_Tile|1
ACAGAATCTACACCATTGCTAGGCGAATCTTCTATGGCAGATCATGTTTTAGTATTTGAA
>HPV110_Beta_186461194_nt4661_Genome_Tile|1
ATCATGTTTTAGTATTTGAAGGTGCAGGTGGACAAAGTATTGGTGGCACTAGACAGGCTG
>HPV110_Beta_186461194_nt4701_Genome_Tile|1
TGGTGGCACTAGACAGGCTGCCATTGATACAGCACAGGAAAGTATTGAGCTACAATCATG
>HPV110_Beta_186461194_nt5021_Genome_Tile|1
ATAGACAATTTTTAGATGTGGTAAGATTAGGCCGTCCACAGTCGCTGAAACACCTCAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt5041_Genome_Tile|1
GTAAGATTAGGCCGTCCACAGTCGCTGAAACACCTCAAGGTTATTTAAGAGTCAGTCGG
>HPV110_Beta_186461194_nt5081_Genome_Tile|1
GTTATTTAAGAGTCAGTCGGCTTGGACGGCGTGCAACCATTAGAACTCGCAGTGGTGCTC
>HPV110_Beta_186461194_nt5101_Genome_Tile|1
CTTGGACGGCGTGCAACCATTAGAACTCGCAGTGGTGCTCAAGTAGGAACACAAGTACAC
>HPV110_Beta_186461194_nt5161_Genome_Tile|1
TTTTACAGAGATTTAAGCACAAATTGATTCTGAAGCTCCTATTGAAATGCAAATACCTGGT
>HPV110_Beta_186461194_nt5261_Genome_Tile|1
AAAGTTCCTTTTGTAGATGTTAATATAGACGAGCCAGATCCTTTAAATGTTGGGCAGTTTG
>HPV110_Beta_186461194_nt5281_Genome_Tile|1
AATATAGACGAGCCAGATCCTTTAAATGTTGGGCAGTTTGAATCAATGGAAATAGAAGAA
>HPV110_Beta_186461194_nt5301_Genome_Tile|1
TTTAAATGTTGGGCAGTTTGAATCAATGGAAATAGAAGAACCAGATTATAATTCTGCTGA
>HPV110_Beta_186461194_nt5321_Genome_Tile|1
AATCAATGGAAATAGAAGAACCAGATTATAATTCTGCTGATTTTTTTACTAGATGACCATG
>HPV110_Beta_186461194_nt5361_Genome_Tile|1
TTTTTTTACTAGATGACCATGTAGATGATTTTAGTGGTTCACAATTGGTATTTGGAAATCC
>HPV110_Beta_186461194_nt5481_Genome_Tile|1
TTATATACAAGATATTCAAGGCCATACTGTTGCTTACCCAGAATCTAGAGACAACACTGA
>HPV110_Beta_186461194_nt5521_Genome_Tile|1
GAATCTAGAGACAACACTGAAATTATACTCCCCTACCTGATACTCCAACCTGTGGTCATA
>HPV110_Beta_186461194_nt5541_Genome_Tile|1
AATTATACTCCCCTACCTGATACTCCAACCTGTGGTCATACACATCAGTGACACTAGTGG
>HPV110_Beta_186461194_nt7161_Genome_Tile|1
AAGGTCTCTAAGGTACCAAACGCAAACGGTCGTGACCGATATCGGTGTCAATAAATTTT
>HPV110_Beta_186461194_nt7201_Genome_Tile|1
TATCGGTGTCAATAAATTTTATAACCAATCTGGTATGTGAAGTATGTTTTTTACCGTGTT
>HPV107_Beta_126131393_nt0081_Genome_Tile|2
GCCAAAAGTCTGCCAAGTTTTCTTGGCAGAACATCCATTTGGCTGCAACTGTCACCGATA
>HPV107_Beta_126131393_nt0101_Genome_Tile|1
TCTTGGCAGAACATCCATTTGGCTGCAACTGTCACCGATAACGGTAAGTATTTGTTTTGA
>HPV107_Beta_126131393_nt0141_Genome_Tile|1
ACGGTAAGTATTTGTTTTGAGCACCGGTGCCGTTGCTAAATTACTCATATGGTGATTGT
>HPV107_Beta_126131393_nt0201_Genome_Tile|1
GGTTTACAACCATCATCTTGACATATTACATGTAACCGCATGTGTAGTATCTAATATAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt0221_Genome_Tile|1
ACATATTACATGTAACCGCATGTGTAGTATCTAATATAAAAATATTTTGTGCTTCTACAA
>HPV107_Beta_126131393_nt0241_Genome_Tile|1
TGTGTAGTATCTAATATAAAAATATTTTGTGCTTCTACAACCTGTTTCAGATGCTCATGGAC

>HPV107_Beta_126131393_nt0261_Genome_Tile|1
AATATTTTGTGCTTCTACAACCTGTTTCAGATGCTCATGGACAGGCCAAGGACAATCGTACA
>HPV107_Beta_126131393_nt0281_Genome_Tile|1
CTGTTTCAGATGCTCATGGACAGGCCAAGGACAATCGTACAGCTTACACAGCATCTTAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt0301_Genome_Tile|1
AGGCCAAGGACAATCGTACAGCTTACACAGCATCTTAATATACCAGTGAAGACTTACTG
>HPV107_Beta_126131393_nt0321_Genome_Tile|1
GCTTACACAGCATCTTAATATACCAGTGAAGACTTACTGGTACCTTGCAAATTTTGCAA
>HPV107_Beta_126131393_nt0341_Genome_Tile|1
TACCAGTGAAGACTTACTGGTACCTTGCAAATTTTGCAAACGATTCTTAACCTTTTATAG
>HPV107_Beta_126131393_nt0381_Genome_Tile|1
ACGATTCTTAACCTTTTATAGAACTTTTACAATTTGATTATAAAAAATTTACAATTAATTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt0401_Genome_Tile|1
AACTTTTACAATTTGATTATAAAAAATTTACAATTAATTTGGCATGAAAAATTTAGTATATG
>HPV107_Beta_126131393_nt0461_Genome_Tile|1
GTTGTTGTTGCAGCTGTGCTTATGCATCAGCAGCGTTTGAATTTAAAAATCATTTTGAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt0481_Genome_Tile|1
TATGCATCAGCAGCGTTTGAATTTAAAAATCATTTTGAATTTCAGGTTGTAGGTAAGCAG
>HPV107_Beta_126131393_nt0501_Genome_Tile|1
ATTTAAAAATCATTTTGAATTTCAGGTTGTAGGTAAGCAGATTGAGGAGATCACTCAGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt0521_Genome_Tile|1
TTCAGGTTGTAGGTAAGCAGATTGAGGAGATCACTCAGCAAAGTATTGGATTATTAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt0541_Genome_Tile|1
ATTGAGGAGATCACTCAGCAAAGTATTGGATTATTAATATTAGATGTGTGTTTTGTTTA
>HPV107_Beta_126131393_nt0901_Genome_Tile|1
GTCTCTACGTTTTTGCACCCATTTTGGCATTTCGGGCATTGCAGGATCTTTTGCTTCAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt0921_Genome_Tile|1
CATTTTGGCATTTCGGGCATTGCAGGATCTTTTGCTTCAAGAAGTCCAACCTGATCTGTCCA
>HPV107_Beta_126131393_nt1441_Genome_Tile|1
AAGGGAGTGGGAGAGATGCATTTTAAACAGCTGTTAAATCTAGTAATGTTAAAGCTACT
>HPV107_Beta_126131393_nt1461_Genome_Tile|1
TTTTTAAACAGCTGTTAAATCTAGTAATGTTAAAGCTACTTTAATGGGAAAATTTAAGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt1561_Genome_Tile|1
AAGAGCAATAAGACGTGTTGCAAAGATTGGGTTGTAACCATATACTGTGTTCAAGATGAT
>HPV107_Beta_126131393_nt1581_Genome_Tile|1
CAAAGATTGGGTTGTAACCATATACTGTGTTCAAGATGATTTATTAGAAGCTTCTAAGAT
>HPV107_Beta_126131393_nt1641_Genome_Tile|1
ATTGTTACAAAAACATTGTAATTATATATGGATGCATGTACTACAGCCTATGACATTATA
>HPV107_Beta_126131393_nt1741_Genome_Tile|1
TGTAGATTATTAAAGTTCCATTCTGCAAATTGATGATATGCAGGCATTATTAGAGCCTCCC
>HPV107_Beta_126131393_nt1861_Genome_Tile|1
TATTCATTTGGTACGTATCCAGACTGGATAGTAGCTCAAACCTATGATAAGTCATCAAGCA
>HPV107_Beta_126131393_nt1881_Genome_Tile|1
AGACTGGATAGTAGCTCAAACCTATGATAAGTCATCAAGCAGCAGAGGCTACACAGTTTTTC
>HPV107_Beta_126131393_nt2241_Genome_Tile|1
TTTGGATAAAATTCGTACGTTTTTAAAGAATACTCCAAAAAGAAATTGTATGTGCTTTTA
>HPV107_Beta_126131393_nt2261_Genome_Tile|1
TTTTTAAAGAATACTCCAAAAAGAAATTGTATGTGCTTTTATGGTCCACCAGATTCTGGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt2321_Genome_Tile|1
AATCTATGTTTACTATGTCCTTAATAAATGATTGAAAGGAAGAGTACTTTCCTTTTGCAA
>HPV107_Beta_126131393_nt2341_Genome_Tile|1
TTAATAAATGTATTGAAAGGAAGAGTACTTTCCTTTTGCAAACCTCCAGAAGCCAGTTTTGG
>HPV107_Beta_126131393_nt2421_Genome_Tile|1
TAAGCTTGCTTTTGCTAGATGATGCTACACAAGAATGCTGGAATTATATTGATACATTTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt2481_Genome_Tile|1

AAGAAATGGTGTAGATGGTAATTATGTATCTTTAGACATTAAACACAGGGCTCCGTTACA
>HPV107_Beta_126131393_nt2501_Genome_Tile|1
ATTATGTATCTTTAGACATTAAACACAGGGCTCCGTTACAGATCAAATTCCTCCATTAA
>HPV107_Beta_126131393_nt2561_Genome_Tile|1
TGATTACCACAAATATGAATATACTAAAGGAGGAAAAGTACAGGTATCTACATACTAGAA
>HPV107_Beta_126131393_nt2581_Genome_Tile|1
ATACTAAAGGAGGAAAAGTACAGGTATCTACATACTAGAATAGAATTTTTTTGAATTCCTCA
>HPV107_Beta_126131393_nt2601_Genome_Tile|1
CAGGTATCTACATACTAGAATAGAATTTTTTTGAATTCCTCAACAAATTTCCATTTGATAA
>HPV107_Beta_126131393_nt2621_Genome_Tile|1
TAGAATTTTTTTGAATTCCTCAACAAATTTCCATTTGATAATAATAACAAGCCACAATTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt2901_Genome_Tile|1
TTGCTAGGCGAAATGGTATTTTGCAGACTGGGATATCAACCAGTCCCAAGTCTTGCAACTT
>HPV107_Beta_126131393_nt3001_Genome_Tile|1
GTTACAAAGTTTGCAGAACTCCAAATATGCCGAGGAAACATGGAGTTTGGTGCAAACTAG
>HPV107_Beta_126131393_nt3101_Genome_Tile|1
AAGGAACCACAGACTATTGAAGTGGTGGTTGATGGAGATCCTGAAAATCGTATGATATAC
>HPV107_Beta_126131393_nt3141_Genome_Tile|1
CTGAAAATCGTATGATATACAGTATGGAAGTGGATTTATTTTCAGAATACAGAGGACA
>HPV107_Beta_126131393_nt3161_Genome_Tile|1
ACAGTATGGAAGTGGATTTATTTTCAGAATACAGAGGACATATGGCAAAAAGTTAAAGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt3181_Genome_Tile|1
TTTTTCAGAATACAGAGGACATATGGCAAAAAGTTAAAGGACATGTGGACTATGAGGGTGC
>HPV107_Beta_126131393_nt3201_Genome_Tile|1
TATGGCAAAAAGTTAAAGGACATGTGGACTATGAGGGTGCCTTTTACATGGAAGGCACAC
>HPV107_Beta_126131393_nt3221_Genome_Tile|1
CATGTGGACTATGAGGGTGCCTTTTACATGGAAGGCACACACAAACATTATTATATAAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt3241_Genome_Tile|1
CTTTTACATGGAAGGCACACACAAACATTATTATATAAAGTTTGAAAATGATGCTAACAG
>HPV107_Beta_126131393_nt3921_Genome_Tile|1
TTTTGTAAAGAGGGGAAGCAAACAGCTTAAATGCTATCGCTTTAGAGCACGCAAAAAGC
>HPV107_Beta_126131393_nt3961_Genome_Tile|1
CTTTAGAGCACGCAAAAAGCACAAAGGAACTATAAGTATTTTAGTAGTACCTGGTCCTG
>HPV107_Beta_126131393_nt3981_Genome_Tile|1
ACAAAGGAACTATAAGTATTTTAGTAGTACCTGGTCCTGGATAGGGGAACATAGTAATG
>HPV107_Beta_126131393_nt4041_Genome_Tile|1
ATAGAATAGGTAGAGCCGAATGTTAGTTAGTTTACATCCACACACCAACGTGAAATGT
>HPV107_Beta_126131393_nt4061_Genome_Tile|1
ATGTTAGTTAGTTTACATCCACACACCAACGTGAAATGTTTTTAGATACTATGAAATTA
>HPV107_Beta_126131393_nt4101_Genome_Tile|1
TTTTTAGATACTATGAAATTACCACAAGGTGTAGACTGGTCATATGGGAATTTTGACAGCT
>HPV107_Beta_126131393_nt4121_Genome_Tile|1
CCACAAGGTGTAGACTGGTCATATGGGAATTTTGACAGCTTATAATACTAACCTTTTTTGC
>HPV107_Beta_126131393_nt4141_Genome_Tile|1
ATATGGGAATTTTGACAGCTTATAATACTAACCTTTTTTGCTATTTTAACTGCTGCCTAG
>HPV107_Beta_126131393_nt4161_Genome_Tile|1
TATAATACTAACCTTTTTGCTATTTTAACTGCTGCCTAGCTACTAACATACTAACATGG
>HPV107_Beta_126131393_nt4181_Genome_Tile|1
TATTTTAACTGCTGCCTAGCTACTAACATACTAACATGGCGCGTGCAGAACTAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt4621_Genome_Tile|1
TATTGCAGAAAGTGCATCCTGTTCTGTGCCAGATACAGAAATAGACACACCTGTTGTAAC
>HPV107_Beta_126131393_nt4681_Genome_Tile|1
AGGCGGTCGAGGTTCTCTGCTGTCTAGAGGTGGCAGACCCAGCCCCCAATACGCAC
>HPV107_Beta_126131393_nt4701_Genome_Tile|1
CTGTCCTAGAGGTGGCAGACCCAGCCCCCAATACGCACACGTGTGTCACGTACCCAGT

>HPV107_Beta_126131393_nt4741_Genome_Tile|1
ACGTGTGTCACGTACCCAGTATCACAATCCATCCTTTCAGATAATATCCGAATCTACACC
>HPV107_Beta_126131393_nt4781_Genome_Tile|1
ATAATATCCGAATCTACACCTATTGCTGGTGAGGCATCCCTGTCAGACCAAGTGTTAGTG
>HPV107_Beta_126131393_nt4821_Genome_Tile|1
TGTCAGACCAAGTGTTAGTGTTTGAAAATACTGGAGGACAAACAATCGGTGGGATTCGGG
>HPV107_Beta_126131393_nt4861_Genome_Tile|1
AACAAATCGGTGGGATTCGGGAAGAAATTGAATTGCAACCCTTACCTTCTAGGTATAGTTT
>HPV107_Beta_126131393_nt4961_Genome_Tile|1
CCTATTGAAAGAGGTAGGCAAGCGCTTTCCTCCATTTCGAAGAGCCCTGTATAATAGGCGC
>HPV107_Beta_126131393_nt5161_Genome_Tile|1
TCCTGACAGGCAATTTTTGGATGTTGCCAAGTTAGGTAGGCCTCTATATTCCGAAACCCC
>HPV107_Beta_126131393_nt5181_Genome_Tile|1
ATGTTGCCAAGTTAGGTAGGCCTCTATATTCCGAAACCCACAAAGGCTATATACGGGTCA
>HPV107_Beta_126131393_nt5201_Genome_Tile|1
CCTCTATATTCCGAAACCCACAAAGGCTATATACGGGTCAGTAGATTAGGCAACAGAGCC
>HPV107_Beta_126131393_nt5221_Genome_Tile|1
ACAAGGCTATATACGGGTCAGTAGATTAGGCAACAGAGCCTCTTTACGAACCAGAAGCGG
>HPV107_Beta_126131393_nt5261_Genome_Tile|1
TCTTTACGAACCAGAAGCGGTGCACAAGTAGGGGCACAAGTACACTTTTATAAAGATGTT
>HPV107_Beta_126131393_nt5341_Genome_Tile|1
TCCTATTGAACTACAATTACTGGGGGAACATTTCAGGAGACACCAGTATTATCCAAGGGCC
>HPV107_Beta_126131393_nt5381_Genome_Tile|1
ACCAGTATTATCCAAGGGCCTGTTGAAAAGTACACTGGTGGATATTAATGTAAGGGATACT
>HPV107_Beta_126131393_nt5401_Genome_Tile|1
TGTTGAAAGTACACTGGTGGATATTAATGTAAGGGATACTCCAGAATTGCTTGAAAGTTC
>HPV107_Beta_126131393_nt5421_Genome_Tile|1
ATATTAATGTAAGGGATACTCCAGAATTGCTTGAAAGTTCTGAATTTAACTCTCAGGATC
>HPV107_Beta_126131393_nt5441_Genome_Tile|1
CCAGAATTGCTTGAAAGTTCTGAATTTAACTCTCAGGATCTACTTATTGATGATGCTATA
>HPV107_Beta_126131393_nt5501_Genome_Tile|1
GAGGATTTTAGTGGGTCACAGCTAGTGTTTGCAACCCTAGACGGTCTACCACTTCTGTGTC
>HPV107_Beta_126131393_nt5521_Genome_Tile|1
GCTAGTGTTTGCAACCCTAGACGGTCTACCACTTCTGTCACTGTACCCAGATTTAGTTC
>HPV107_Beta_126131393_nt5541_Genome_Tile|1
GACGGTCTACCACTTCTGTCACTGTACCCAGATTTAGTTCTCCAAGGGAACTACTTTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt5681_Genome_Tile|1
ATTCCTGCAGTTGTTATCCATTTTGGGGAATCAGGTGCTGATTACTATTTACATCCCCAT
>HPV107_Beta_126131393_nt5701_Genome_Tile|1
TTTTGGGGAATCAGGTGCTGATTACTATTTACATCCCCATTTACAGCGACGCAAGCGCAA
>HPV107_Beta_126131393_nt5861_Genome_Tile|1
CCGATGAGTACGTGGAGCGGACCAATATATTTATCACGCCACTAGTGACAGATTATTAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6161_Genome_Tile|1
ATAAGGTAAAGGACACTGAAAATACAAATAGCTATCAAAACAGTTCAACAGATGATAGAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6301_Genome_Tile|1
GCACTGCCATGCGATGATGCTGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATTTGAATTAAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6321_Genome_Tile|1
TGGTGACCAACAAGGTAAATGTCCGCCCATTTGAATTAAAAAATTCTTTTATAGAAGATGG
>HPV107_Beta_126131393_nt6361_Genome_Tile|1
AATTCTTTTATAGAAGATGGGGATATGATAGATATTGGGTTTGCGCAATATAAATAACAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6381_Genome_Tile|1
GGATATGATAGATATTGGGTTTGCGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATC
>HPV107_Beta_126131393_nt6401_Genome_Tile|1
TTGGCAATATAAATAACAAGACATTATCAGTAAACAAATCAGATGTTAGTTTAGATTTAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6561_Genome_Tile|1

ACATTATTTCACTAGAGGAGGAGCTGTGGGTGATGCTATACCTGATACAACAACCTAATCA
>HPV107_Beta_126131393_nt6581_Genome_Tile|1
GAGCTGTGGGTGATGCTATACCTGATACAACAACCTAATCAAGATCACAAATACTATATAG
>HPV107_Beta_126131393_nt6601_Genome_Tile|1
CCTGATACAACAACCTAATCAAGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCC
>HPV107_Beta_126131393_nt6621_Genome_Tile|1
AGATCACAAATACTATATAGCACCTAAGAGTGGACAATCCCAAAGTCCTTTGGGTAATTC
>HPV107_Beta_126131393_nt6661_Genome_Tile|1
CAAAGTCCTTTGGGTAATTCTATTTACTATCCCACCGTTAGTGGCTCCTTAGTTTCTTCT
>HPV107_Beta_126131393_nt6701_Genome_Tile|1
GTGGCTCCTTAGTTTCTTCTGATGCACAGCTCTTTAACAGACCCTTCTGGTTGAAACGTG
>HPV107_Beta_126131393_nt6841_Genome_Tile|1
ACTATAAGTGTGCCTAGTCAAAATGGACCCCTTACAGAATATGATGCCAATAATATCAGG
>HPV107_Beta_126131393_nt6881_Genome_Tile|1
ATGATGCCAATAATATCAGGGAATTTTAAAGGCATGTTGAGGAATATCAAATATCTGTAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6941_Genome_Tile|1
TACTGCAACTTTGTAAAGTGTCTTTACAACCAGATGTGTTAGCCCCAAATTAATGCTATGA
>HPV107_Beta_126131393_nt7181_Genome_Tile|1
TATCTTTGGATTTAGATCAGTATCCTTTAGGACGTAAATTCTTATCCAAACAACACTAC
>HPV107_Beta_126131393_nt7301_Genome_Tile|1
AACGTACTTGACCGAAATCGGTCCCTCTCAATAAACAAGTATTCTAACTAAAGTGGTATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0001_Genome_Tile|1
TATAGGATATACACTGATTGTTGGCAACTATCATTAATCATAAAAAAATATGACCAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0021_Genome_Tile|1
TTGGCAACTATCATTAATCATAAAAAAATATGACCAGAAGAGGTATATATAAATAGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0041_Genome_Tile|1
ATAAAAAAATATGACCAGAAGAGGTATATATAAATAGCTGAGACGTTTCGTAAACTTTAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0061_Genome_Tile|1
AGAGGTATATATAAATAGCTGAGACGTTTCGTAAACTTTAGGATGCAGATGGAAGAAGACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0081_Genome_Tile|1
GAGACGTTTCGTAAACTTTAGGATGCAGATGGAAGAAGACAGGTTTCCAACAACAGTGGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0101_Genome_Tile|1
GATGCAGATGGAAGAAGACAGGTTTCCAACAACAGTGGCTGATTATTGCTCTGAATTTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0121_Genome_Tile|1
GGTTTCCAACAACAGTGGCTGATTATTGCTCTGAATTTGATATTCTTTAAAAGATCTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0181_Genome_Tile|1
AGTTAAAATGTGTATTTTGTAGATTTTACTTAACTGAACAGCAGTTGGCTGCATTTTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0261_Genome_Tile|1
TGGA AAAACCGTTATTGCTTTGCTTGTGTACTCCGTGTCTTAGACTTACTGCTAAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0281_Genome_Tile|1
TGCTTGTTGTA TCTCCGTGTCTTAGACTTACTGCTAAATTTGAAGCTGAAAACCTATTTTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0301_Genome_Tile|1
TTAGACTTACTGCTAAATTTGAAGCTGAAAACCTATTTTCAGTGTATGTGTAAAGGAGAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0321_Genome_Tile|1
GAAGCTGAAAACCTATTTTCAGTGTATGTGTAAAGGAGAAGTATTAGAAGTTCTAACTCGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0341_Genome_Tile|1
GTGTATGTGTAAAGGAGAAGTATTAGAAGTTCTAACTCGTATTCTTTGAGTTCTCTTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0361_Genome_Tile|1
TATTAGAAGTTCTAACTCGTATTCTTTGAGTTCTCTTTCTGTACGCTGTTTTGATTGCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0381_Genome_Tile|1
ATTCTTTGAGTTCTCTTTCTGTACGCTGTTTTGATTGCCTTACATTGTTATCTTTTGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0401_Genome_Tile|1
TGTACGCTGTTTTGATTGCCTTACATTGTTATCTTTTGACAGAAAAAATAGATTGTATAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0421_Genome_Tile|1
TTACATTGTTATCTTTTGACAGAAAAAATAGATTGTATAATTAGTGGTCAAAACCTTTTATC

>HPV60_Gamma_9628566_nt0481_Genome_Tile|1
TTGTAAGGGGTCGCTGGAGATCATATTGTAGAAATTGCATTGAGAAATGATTGGTAATCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0501_Genome_Tile|1
TCATATTGTAGAAATTGCATTGAGAAATGATTGGTAATCAGCCTAATGTTAATAACCTTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0521_Genome_Tile|1
TGAGAAATGATTGGTAATCAGCCTAATGTTAATAACCTTGATGTAAATTTGGAGGAGTTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0541_Genome_Tile|1
GCCTAATGTTAATAACCTTGATGTAAATTTGGAGGAGTTGGTTTTACCTGTCAGTCTTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0561_Genome_Tile|1
ATGTAAATTTGGAGGAGTTGGTTTTACCTGTCAGTCTTTTAGCTGATGAGGAGTTGTCAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0581_Genome_Tile|1
GTTTTACCTGTCAGTCTTTTAGCTGATGAGGAGTTGTCACCCGATGGTGATCCTGAGGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0661_Genome_Tile|1
AATAGACACCTGTTGCAAACCTTGTGGAGCAGGTGTTAGATTTACTATTATTGCTACTCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0681_Genome_Tile|1
CTTGTGGAGCAGGTGTTAGATTTACTATTATTGCTACTCCTTCTGCTGTAATAACTCTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0701_Genome_Tile|1
TTTACTATTATTGCTACTCCTTCTGCTGTAATAACTCTTCGTCAACTATTGCTTCAAGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0741_Genome_Tile|1
GTCAACTATTGCTTCAAGAAGTGTTCTGACCTGTTTGAGGTGCTCCAGATCCCTTTTTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0801_Genome_Tile|1
GACATGGCAGATCCTAATAAAGGTATTAATTCCTTGAATTAAATGAGGGGCATAGCGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0821_Genome_Tile|1
AGGTATTAATTCCTTGAATTAAATGAGGGGCATAGCGAATGGTATGTTGTGACAGAAGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0841_Genome_Tile|1
TAAATGAGGGGCATAGCGAATGGTATGTTGTGACAGAAGCTGAGTGTATTAATAGTTTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0861_Genome_Tile|1
TGGTATGTTGTGACAGAAGCTGAGTGTATTAATAGTTTGGATACAATGGAAGAGCTATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0961_Genome_Tile|1
ACGATTCCGAGGAAGCTGGAGGAGGGAAATTCCTGGCACTCTACAATGAACAGTTAACAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1021_Genome_Tile|1
AGGATTGCAATAGAGCTATTTTAGCGCTAAAACGAAAGTTAACTAAAACACCTTTGAAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1041_Genome_Tile|1
TTAGCGCTAAAACGAAAGTTAACTAAAACACCTTTGAAAAGCCAGGACAGAACGGTTGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1081_Genome_Tile|1
GCCAGGACAGAACGGTTGCTGACCTAAGTCCAAGGTTGGAAGCTGTCACAATTTACCTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt1101_Genome_Tile|1
GACCTAAGTCCAAGGTTGGAAGCTGTCACAATTTACCTCAGAGACAAAAGCAAAGGAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1181_Genome_Tile|1
AGGAGAAGATGAAGCTACAAATTCATTGAAAAAAGGTAGTTTCGAACTCTTTAGAGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1201_Genome_Tile|1
ATTCTATTGAAAAAAGGTAGTTTCGAACTCTTTAGAGAGTAATGAAAGTGGGACCTTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1241_Genome_Tile|1
TAATGAAAGTGGGACCTTGGTTGTGGAAACGGACAGTATATTTTCGAGTACTAATAGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1281_Genome_Tile|1
TTTCGCAGTACTAATAGAAAAGCCACTTTATTGGCTAAATTTAAAGAATACTTTGGTGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1301_Genome_Tile|1
AGCCACTTTATTGGCTAAATTTAAAGAATACTTTGGTGTAGCATATGGAGATTTAACGCG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1321_Genome_Tile|1
TTAAAGAATACTTTGGTGTAGCATATGGAGATTTAACGCGACCGTTTAAAGTGATAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1381_Genome_Tile|1
CATGTTGTGAAAAGTGGGTTATAAGTGTGTGTGCCGCTGCAGAAGAAGTAATAGAAGCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1421_Genome_Tile|1
AGAAGAAGTAATAGAAGCTTCAAAAACAGTTATGCAGCAACATTGTGATTTTTTACAGGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1441_Genome_Tile|1

CAAAAACAGTTATGCAGCAACATTGTGATTTTTTACAGGTTATTTTCATATGGGTTTTATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1461_Genome_Tile|1
CATTGTGATTTTTTACAGGTTATTTTCATATGGGTTTTATGCTTTATATTTGGTAAAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1481_Genome_Tile|1
TATTTTCATATGGGTTTTATGCTTTATATTTGGTAAAATTTAAAACAGCAAAAAGTAGAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1501_Genome_Tile|1
CTTTATATTTGGTAAAATTTAAAACAGCAAAAAGTAGAGATACTATAATGAAATTATTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1541_Genome_Tile|1
TACTATAATGAAATTATTTTCTTTAACATTGAATGTACAAGAACAACAATTAATGTGTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1601_Genome_Tile|1
TCCACCAAAATCTAGAAGTACCCCAACAGCTCTTTATTTTTTATAGAAGGTCATTTGGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1661_Genome_Tile|1
TGCATCGTTTATTTATGGACCGTTTCCAGATTGGTTAGCAAAATTAACATATGTTAGACCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1681_Genome_Tile|1
CGTTTCCAGATTGGTTAGCAAAATTAACATATGTTAGACCATGAATCCGCCGCGAGCTCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1701_Genome_Tile|1
AAATTAACATATGTTAGACCATGAATCCGCCGCGAGCTCAGAACAGTTTGAACCTTGCTCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1721_Genome_Tile|1
TGAATCCGCCGCGAGCTCAGAACAGTTTGAACCTTGCTCAAATGATTCAATTTGCTTATGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1741_Genome_Tile|1
AACAGTTTGAACCTTGCTCAAATGATTCAATTTGCTTATGACAATAACTTGACAACCTGAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1761_Genome_Tile|1
ATGATTCAATTTGCTTATGACAATAACTTGACAACCTGAATCTGAAATAGCTTATAAATAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1781_Genome_Tile|1
CAATAACTTGACAACCTGAATCTGAAATAGCTTATAAATATGCATTGTTAGCTGATTCTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1881_Genome_Tile|1
AAATATGTACGAGACTGCTATGCAATGTTAAGATATTATAAAAGACAAGAAATGAAAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1921_Genome_Tile|1
AAAGACAAGAAATGAAAGATATGTCAATTTCTGAGTGGATATGGAAATGTTGCGATGATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2001_Genome_Tile|1
AAATTAATAGCACAAATTTTTACGTTATCAAGAAGTTAATTTTCATTTTATTTTATGTGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2021_Genome_Tile|1
ACGTTATCAAGAAGTTAATTTTCATTTTCATTTTATGTGCATTAAAGACATTGTTTAAAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2061_Genome_Tile|1
TTAAAGACATTGTTTAAAGGTATTCCAAAAAGAAATTGTTTAGTGTTTTGGGGACCTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2121_Genome_Tile|1
GATACAGGAAAAGTCTTATATTTGTTCTTCACTTACACGGTTTATGCAGGGAAAAGTGGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2141_Genome_Tile|1
TTGTTCTTCACTTACACGGTTTATGCAGGGAAAAGTGGTATCTTTTCATGAATAGACACAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2161_Genome_Tile|1
TTATGCAGGGAAAAGTGGTATCTTTTCATGAATAGACACAGTCAATTTTGGCTACAACCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2181_Genome_Tile|1
TCTTTTCATGAATAGACACAGTCAATTTTGGCTACAACCTTTACAAGATTGTAAGCTTGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2221_Genome_Tile|1
TACAAGATTGTAAGCTTGGATTCTTAGATGATGCTACATTTCAATGTTGGCAATACATGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2341_Genome_Tile|1
CTCCTTTACAAATAAAATTACCTCCTTTATTAATAACTACCAATGTTGATGTTGAAAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2361_Genome_Tile|1
CCTCCTTTATTAATAACTACCAATGTTGATGTTGAAAATGAAGCTAGCTTAATGTATTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2381_Genome_Tile|1
CAATGTTGATGTTGAAAATGAAGCTAGCTTAATGTATTTAAAGAGTAGACTAGTATTTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2421_Genome_Tile|1
AAGAGTAGACTAGTATTTTTTAAAGTTTCTTAACAAATTACCTTTAAAAAGAAAATGATGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2441_Genome_Tile|1
TAAGTTTCTTAACAAATTACCTTTAAAAAGAAAATGATGAAGTACTTTATGAAATTACTGA

>HPV60_Gamma_9628566_nt2461_Genome_Tile|1
CTTTAAAAGAAAATGATGAAGTACTTTATGAAATTACTGATGCATCATGGAAATGTTTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2481_Genome_Tile|1
GTACTTTATGAAATTACTGATGCATCATGGAAATGTTTTTTTATCAAATTTGCAAGCCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2521_Genome_Tile|1
TTATCAAATTTGCAAGCCATTTAGAGCTGACAGCCAGAGGAGACGAGCAGCATGAATCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2541_Genome_Tile|1
TTAGAGCTGACAGCCAGAGGAGACGAGCAGCATGAATCAGGCCGATCTGACCGAGCGTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2561_Genome_Tile|1
AGACGAGCAGCATGAATCAGGCCGATCTGACCGAGCGTTCGATGCACTGCAGGAACAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2581_Genome_Tile|1
GCCGATCTGACCGAGCGTTCGATGCACTGCAGGAACAAATACTGAATCTATATGAGCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2621_Genome_Tile|1
TACTGAATCTATATGAGCAAGATTCAAAGGACATTCAGGCCCAAATACAATATTGGGATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2641_Genome_Tile|1
GATTCAAAGGACATTCAGGCCCAAATACAATATTGGGATTAAATAGAAAACCTATATGTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2681_Genome_Tile|1
TAAATAGAAAACCTATATGTCACATACTATTATGCAAGAAAAGAGGCTATTCGCATTTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2721_Genome_Tile|1
AGAAGGCTATTCGCATTTGGGTCTTCAACCCCTTACCAGCTTTGCAAGTATCAGAGTACAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2741_Genome_Tile|1
GTCTTCAACCCCTTACCAGCTTTGCAAGTATCAGAGTACAAAGCCAAGCAGGCAATCGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2761_Genome_Tile|1
TTGCAAGTATCAGAGTACAAAGCCAAGCAGGCAATCGAAATGGGATTGTTATTAACCAGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2781_Genome_Tile|1
AGCCAAGCAGGCAATCGAAATGGGATTGTTATTAACCAGTTTAAGCAAATCCCAATATGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2801_Genome_Tile|1
TGGGATTGTTATTAACCAGTTTAAGCAAATCCCAATATGCTTCAGAACTATGGGGTTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2841_Genome_Tile|1
TTCAGAACTATGGGGTTTAAACAGATACAAGTGCAGAATTGTTATTAACCCCTCCAAGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2861_Genome_Tile|1
CAGATACAAGTGCAGAATTGTTATTAACCCCTCCAAGAAATACATTTAAAAAGAAGGGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2881_Genome_Tile|1
TTATTAACCCCTCCAAGAAATACATTTAAAAAGAAGGGATATACTGTAAATGTGTGGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2901_Genome_Tile|1
TACATTTAAAAAGAAGGGATATACTGTAAATGTGTGGTTTGATAATAATGAAAATAATAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2981_Genome_Tile|1
AATATATTTACTATCAGGATGATATTGAACAATGGCACAGGACCAGAGGAGAGGTGGACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3001_Genome_Tile|1
GATATTGAACAATGGCACAGGACCAGAGGAGAGGTGGACTATAATGGACTTTATTTTACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3061_Genome_Tile|1
GAAAATAATGGAAATAGAGCATATTTCTCCTATTTGATAGTGATGCACAAACATATTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3101_Genome_Tile|1
GTGATGCACAAACATATTCACAAACTGGGACATGGACAGTGCATTATAAAAACCAAATTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3181_Genome_Tile|1
TCCTCAAAACAATCCTCCGACGACTACACTTCCAAAGCCGGGCAGCAACCCCACTTCTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3261_Genome_Tile|1
TACTACCGACGGAGGACAGACCTCACAAGAGGGAGTCTCTAGCTCTACCACGTCGCCGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3321_Genome_Tile|1
TGCTGTTTCGATTACGACGCCGAAGATCCAACGAGCAACAAAGAGAACTATCCTCCAGAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3341_Genome_Tile|1
GAAGATCCAACGAGCAACAAAGAGAACTATCCTCCAGAGAGTCGCCCCGTACCAAAGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3361_Genome_Tile|1
AGAGAACTATCCTCCAGAGAGTCGCCCCGTACCAAAGACGCAGAGTACCCGACGAAGTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3401_Genome_Tile|1

GCAGAGTACCCGACGAAGTCGACCGACAGAGTGCCGTGGGGTCTGCCCCAACTGCTGAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3481_Genome_Tile|1
TCTCTTCCTAGAAGCGGTATATCAAGACTTGCAAGACTTCAAGGAGAAGCTCGGGATCCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3501_Genome_Tile|1
ATCAAGACTTGCAAGACTTCAAGGAGAAGCTCGGGATCCTCCAATCCTGCTAATTAAAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3521_Genome_Tile|1
AAGGAGAAGCTCGGGATCCTCCAATCCTGCTAATTAAAGGTCTAGCAAACCTCCCTTAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3541_Genome_Tile|1
CCAATCCTGCTAATTAAAGGTCTAGCAAACCTCCCTTAAATGTTGGAGATATCGATTGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3561_Genome_Tile|1
TCTAGCAAACCTCCCTTAAATGTTGGAGATATCGATTGAAAAAGTATACACGTTATTTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3581_Genome_Tile|1
GTTGGAGATATCGATTGAAAAAGTATACACGTTATTTTAAATGTATGAGTACAGTATTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3601_Genome_Tile|1
AAGTATACACGTTATTTTAAATGTATGAGTACAGTATTTAGATGGGTAGACATAGACGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3621_Genome_Tile|1
ATGTATGAGTACAGTATTTAGATGGGTAGACATAGACGTACCAGAATCTTCTAGACATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3641_Genome_Tile|1
GATGGGTAGACATAGACGTACCAGAATCTTCTAGACATAAATTGTTAGTTGTTTTTAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3661_Genome_Tile|1
CCAGAATCTTCTAGACATAAATTGTTAGTTGTTTTTAATGATACCACACAACGAGATGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3681_Genome_Tile|1
ATTGTTAGTTGTTTTTAATGATACCACACAACGAGATGTTTTTATGAAATTAGTAACTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3721_Genome_Tile|1
TTTATGAAATTAGTAACTTTGCCAAGAGGTTGTACATATACATTTGGAACATTAAACTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3761_Genome_Tile|1
CATTTGGAACATTAAACTCTTTGTAATATTTGTAAAACAAAACAAAATGTATGCTAGAGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3781_Genome_Tile|1
TTGTAATATTTGTAAAACAAAACAAAATGTATGCTAGAGTAAAGCGTGTTAAAAGAGACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3801_Genome_Tile|1
AACAAAATGTATGCTAGAGTAAAGCGTGTTAAAAGAGACTCTGTTGAAAACCTTATATAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3821_Genome_Tile|1
AAAGCGTGTTAAAAGAGACTCTGTTGAAAACCTTATATAAACAATGTCAACTTGGTGCTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3841_Genome_Tile|1
CTGTTGAAAACCTTATATAAACAATGTCAACTTGGTGCTGACTGCCCTCCTGATGTACGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3881_Genome_Tile|1
CTGCCCTCCTGATGTACGAAATAAAGTAGAAGGAACCACACTTGCAGATCGATTATTACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3901_Genome_Tile|1
ATAAAGTAGAAGGAACCACACTTGCAGATCGATTATTACAAATATTTGGAAGTATCTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3941_Genome_Tile|1
AATATTTGGAAGTATCTTATACCTGGGGAATTTGGGTATAGGGACAGGTAAAGGATCGGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3961_Genome_Tile|1
ACCTGGGGAATTTGGGTATAGGGACAGGTAAAGGATCGGGGGGTGCTACAGGCTATACAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3981_Genome_Tile|1
GGGACAGGTAAAGGATCGGGGGGTGCTACAGGCTATACACCTCTTGGTACTGCAAGAGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt4021_Genome_Tile|1
CTCTTGGTACTGCAAGAGTGCCAGCGTCTACACCTGGAACAGTTATAAAACCCACACGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4061_Genome_Tile|1
AGTTATAAAACCCACACGACCGTTTTTCGGTTCCTTTAGATCCAATAGGTTCTGGAATTCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4101_Genome_Tile|1
CCAATAGGTTCTGGAATTCATCGCAACCTGTAGGAGGTCGGTTACCTGTGGACATTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4121_Genome_Tile|1
ATCGCAACCTGTAGGAGGTGCGTTACCTGTGGACATTATAGATGCCAGTGCTTCCTCTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4141_Genome_Tile|1
GGTTACCTGTGGACATTATAGATGCCAGTGCTTCCTCTATTATACCCCTGCAGGAGGTCC

>HPV60_Gamma_9628566_nt4161_Genome_Tile|1
GATGCCAGTGCTTCCTCTATTATACCTTGCAGGAGGTCCTGCCAGAGACCACCATTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4201_Genome_Tile|1
TGCCAGAGACCACCATTATAGTAGGCGGTGACAGCGGTCCTGGATTGGGTGCAAGTGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4221_Genome_Tile|1
GTAGGCGGTGACAGCGGTCCTGGATTGGGTGCAAGTGAAATTGATATAGTTTCAGAACCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4241_Genome_Tile|1
TGGATTGGGTGCAAGTGAAATTGATATAGTTTCAGAACCAAGACCAGATGTGGTCGGTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4261_Genome_Tile|1
TTGATATAGTTTCAGAACCAAGACCAGATGTGGTCGGTGTGATACTCAACCAACAGTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4281_Genome_Tile|1
AGACCAGATGTGGTCGGTGTGATACTCAACCAACAGTATATACCTCCATTGATAATACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4301_Genome_Tile|1
TGATACTCAACCAACAGTATATACCTCCATTGATAATACAGTTGCTACATTAGACATTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4341_Genome_Tile|1
GTTGCTACATTAGACATTACACCAGCTACACCACCAGTGAAGAAAATAATATTAGACCCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4361_Genome_Tile|1
ACCAGCTACACCACCAGTGAAGAAAATAATATTAGACCCTATAAGTTCAGGTTCTGAAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt4381_Genome_Tile|1
AGAAAATAATATTAGACCCTATAAGTTCAGGTTCTGAAGGTGCTGCAGCAATAACATTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4401_Genome_Tile|1
ATAAGTTCAGGTTCTGAAGGTGCTGCAGCAATAACATTTTCAGATATAAGTGCTGCAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4421_Genome_Tile|1
TGCTGCAGCAATAACATTTTCAGATATAAGTGCTGCAGATTTAAATGTATTTGTTGATCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4441_Genome_Tile|1
CAGATATAAGTGCTGCAGATTTAAATGTATTTGTTGATCCTCAGGGAGCAGGAGATAGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4461_Genome_Tile|1
TTAAATGTATTTGTTGATCCTCAGGGAGCAGGAGATAGAATAAGTTTTGGAGAAGAAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4621_Genome_Tile|1
GGGAATTATATAATAGATTTGTGCAGCAACAGCCAACACAAAATATTGACTTCTTAGGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4761_Genome_Tile|1
TTGCAAGAGGTGGCTGCAGCGCCAGACCAGGATTTTGCAGATGTCAGGGAATTAGGACGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4781_Genome_Tile|1
GCCAGACCAGGATTTTGCAGATGTCAGGGAATTAGGACGAGCTCGGTTTTTCAGAAACATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4801_Genome_Tile|1
ATGTCAGGGAATTAGGACGAGCTCGGTTTTTCAGAAACATCTGCAGGAACAATACGAGTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4861_Genome_Tile|1
GCAGATTAGGAACAAAAGGAACAATGAAAACACGAAGTGGACTAACTATTGGTCAGAAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt4881_Genome_Tile|1
ACAATGAAAACACGAAGTGGACTAACTATTGGTCAGAAAGTTCACTTTTATTTTGATATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4921_Genome_Tile|1
TTCACCTTTTATTTTGATATTAGTGATATTCCAGCTGCAGAAACCATACAACTAAGAACAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4941_Genome_Tile|1
AGTGATATTCCAGCTGCAGAAACCATACAACTAAGAACATTAGGCGAGTCTTCCCACGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4961_Genome_Tile|1
AACCATACAACTAAGAACATTAGGCGAGTCTTCCCACGATTTTTCTGCAGTAGATAATAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4981_Genome_Tile|1
TAGGCGAGTCTTCCCACGATTTTTCTGCAGTAGATAATATTACTGAAAGTACATATATTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5041_Genome_Tile|1
ATTTAACTGAAACTACAAATGAAGGCCTAATACCTGACAATATACTAGAGGATGAATTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5061_Genome_Tile|1
GAAGGCCTAATACCTGACAATATACTAGAGGATGAATTTACAGAAAACCTTAATAATGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5081_Genome_Tile|1
TATACTAGAGGATGAATTTACAGAAAACCTTAATAATGCACAGCTGATATTTGCAACAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5101_Genome_Tile|1

CAGAAAACCTTTAATAATGCACAGCTGATATTTGCAACAATAGATGAAGGAGAATCTATGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5121_Genome_Tile|1
CAGCTGATATTTGCAACAATAGATGAAGGAGAATCTATGATCATGCCCACAATTCCTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5141_Genome_Tile|1
AGATGAAGGAGAATCTATGATCATGCCCACAATTCCTCCAGGTGTAGCTTTAAAGTTATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5201_Genome_Tile|1
TATTCCAGAAATAGCTGCAAGCGTGTTAAATGTGGTTCATCCTTCTTCTGAGTGGACTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5241_Genome_Tile|1
CCTTCTTCTGAGTGGACTATTTTGATTCCTAATGTTCCAGATGAAATTATTCAGCCTGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5261_Genome_Tile|1
TTTGATTCCTAATGTTCCAGATGAAATTATTCAGCCTGCTATGGCAGTAGATGTTTATGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5281_Genome_Tile|1
ATGAAATTATTCAGCCTGCTATGGCAGTAGATGTTTATGATGACTTTTATTTACATCCTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5301_Genome_Tile|1
ATGGCAGTAGATGTTTATGATGACTTTTATTTACATCCTCATCTTCTTAGGCGACGCAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5401_Genome_Tile|1
CTTTGGTTGCAGACAGCTGGACAATTGTATCTTCCACCAAGCAAGCCTGTTGCTCGTGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5441_Genome_Tile|1
GCAAGCCTGTTGCTCGTGTACTCAGTACGGATGAATATGTACAGCCAACAAATTTAGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5501_Genome_Tile|1
TTCATACAGGAACTGACAGAATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5521_Genome_Tile|1
ATGCTAATTGTAGGACACCCTTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5541_Genome_Tile|1
TTATTTTGATATTATAGACAGTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5561_Genome_Tile|1
GTGGTTCAAATAATATTACTGTACCTAAATGTAGTGGAAATCAGTTTAGAGTTATGCGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5601_Genome_Tile|1
TCAGTTTAGAGTTATGCGACTACTATTTCCAGATCCAAACAAATTTGCAATGATAGACAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5661_Genome_Tile|1
AGCTGTCTTTAACCCAGAAAGAGAGAGATTAGTCTGGAGATTGGAAGGCCTTGAAATTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5761_Genome_Tile|1
TTATTTAATAAATATGGAGATACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5781_Genome_Tile|1
TACAGAAAATCCTGCCGCATATCCTTTAAAGCAGAATAATGGTGATGACAATAGAATGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5841_Genome_Tile|1
TGTTTCAATGGATCCAAAACAAATGCAATTGTTTATTGTAGGATGTAAACCAGCCACTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5861_Genome_Tile|1
AAATGCAATTGTTTATTGTAGGATGTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGGGATATTGCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5881_Genome_Tile|1
GGATGTAAACCAGCCACTGGTGAACACTGGGATATTGCTAAACCTTGTGATCCTGCTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5921_Genome_Tile|1
AACCTTGTGATCCTGCTCCAGCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATTAACACAGTCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5941_Genome_Tile|1
GCAAAAGGATCCTGTCCCCCAATTAAATTAACACAGTCTATAATTCAGGACGGTGAAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6021_Genome_Tile|1
TGCAAATTTTATTACCTTGCAAGAAGATAAATCAGGTGTTCTCTAGATATTACCAATGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6061_Genome_Tile|1
CCTCTAGATATTACCAATGAAATTTGTAAATATCCTGATTTACTAAAAATGACAAAAGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6141_Genome_Tile|1
TTTCTTTGGTAAACGTGAACAAATTTATTCCAGGCATTATTTTGTAAGAGGAGGGATAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6161_Genome_Tile|1
AAATTTATTCCAGGCATTATTTTGTAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6181_Genome_Tile|1
TTTGTAAGAGGAGGGATAGATGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCA

>HPV60_Gamma_9628566_nt6201_Genome_Tile|1
TGGAGATAGTTTGCCAGATTCTGGATATTACTTAGCACCACAAACTGATAAACCTCAAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6221_Genome_Tile|1
CTGGATATTACTTAGCACCACAAACTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6241_Genome_Tile|1
CAAACCTGATAAACCTCAAAATAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6261_Genome_Tile|1
TAACCTTGGTGGTTATAGTTACTTCCCTACACCAAGTGGTCTGTAGCTTCTAGTGATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6381_Genome_Tile|1
TTGGGGTAACCAATTATTCATTACTATAGTAGATAATACTCGAAATACTAATTTATCTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6401_Genome_Tile|1
TTACTATAGTAGATAATACTCGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6421_Genome_Tile|1
CGAAATACTAATTTATCTATTTTCAGTTTACAAACAAGATGCTGCTATTGATAACAGATAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6481_Genome_Tile|1
AAATATAAACAGGAAGATTTTAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6501_Genome_Tile|1
TAGACAGTATTTACGCCATACTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6521_Genome_Tile|1
CTGAAGAATATGAAGTAGAGTTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6541_Genome_Tile|1
TTAATTCTGAGACTCTGTAAAGTGCCTTTGAATCCAGATGTTCTAGCTCATTTAAATGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6741_Genome_Tile|1
TTATAAACAGTATACATTTTGGACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6761_Genome_Tile|1
GGACAATAGATTTGCAAGAACGTTTTTCTAACGAATTATCCAGTTTTTCTCTTGGA AAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6821_Genome_Tile|1
GATATTTATATCAGTATGGCTTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6841_Genome_Tile|1
TTACTTAACGGACGAAAACGGTCTGCTAGTAGTTTTGTAAACGAAGAAATCAAAAACGTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6861_Genome_Tile|1
GTCTGCTAGTAGTTTTGTAAACGAAGAAATCAAAAACGTGAAACGTAAAAGAACTAAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6881_Genome_Tile|1
CGAAGAAATCAAAAACGTGAAACGTAAAAGAACTAAATAAATACATATATATATTATAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6901_Genome_Tile|1
AAACGTAAAAGAACTAAATAAATACATATATATATTATATGATTAATGAAGGATATATTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6921_Genome_Tile|1
AATACATATATATATTATATGATTAATGAAGGATATATTAATTAATAATGCTGCTGTTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6941_Genome_Tile|1
GATTAATGAAGGATATATTAATTAATAATGCTGCTGTTGTAAAATGAAGGATTAATAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6961_Genome_Tile|1
ATTAATAATGCTGCTGTTGTAAAATGAAGGATTAATAAATTGCACATCAGCAAGTGTCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6981_Genome_Tile|1
AAAATGAAGGATTAATAAATTGCACATCAGCAAGTGTCTGACTCACGGGGTCTACATTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt7001_Genome_Tile|1
TGCACATCAGCAAGTGTCTGACTCACGGGGTCTACATTTTGTCTACCGCGCCTTCATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7021_Genome_Tile|1
ACTCACGGGGTCTACATTTTGTCTACCGCGCCTTCATAATTATCTTGGCATTCATATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt7041_Genome_Tile|1
TGTCTACCGCGCCTTCATAATTATCTTGGCATTCATATCGAGACTATAAGAAACAATCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7061_Genome_Tile|1
TTATCTTGGCATTCATATCGAGACTATAAGAAACAATCACTTGGCACACTCTCGGATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt7101_Genome_Tile|1
CTTGGCACACTCTCGGATTTAACAAGCATTCGCTGGACACTTACCAACCGTAACTGGTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7121_Genome_Tile|1

AACAAGCATTGCTGGACACTTACCAACCGTAACTGGTTAAAAAAGAGCGCCAAAGGGGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7201_Genome_Tile|1
TCCTGAAGGAACGTTTTCCAGGTAAGTACATGTTTCATACAAAGTTTTGACTCACTCTCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt7221_Genome_Tile|1
GGTAAGTACATGTTTCATACAAAGTTTTGACTCACTCTCTTTGTTAGAAACCATTTCCGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt7241_Genome_Tile|1
AAGTTTTGACTCACTCTCTTTGTTAGAAACCATTTCCGTTCTGTGGATATGCGCCAGACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0001_Genome_Tile|1
TCTATCTAATAATAGTTGCCAACAATTATTAGACATAGAGACGTGACAACCGACTACGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0021_Genome_Tile|1
AACAATTATTAGACATAGAGACGTGACAACCGACTACGGTGCATATAAAAGAGCTGATCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0041_Genome_Tile|1
ACGTGACAACCGACTACGGTGCATATAAAAGAGCTGATCAGCACAGATTTGAAGGAGACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0061_Genome_Tile|1
GCATATAAAAGAGCTGATCAGCACAGATTTGAAGGAGACTGATGGAGCCTCAGAGAGCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0081_Genome_Tile|1
GCACAGATTTGAAGGAGACTGATGGAGCCTCAGAGAGCTAAAAATTTGGTGGACTATTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0101_Genome_Tile|1
GATGGAGCCTCAGAGAGCTAAAAATTTGGTGGACTATTGCAAGCAACAACAGATTAGTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0121_Genome_Tile|1
AAAATTTGGTGGACTATTGCAAGCAACAACAGATTAGTTTTTTTTGAATTAGAGCTACAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0141_Genome_Tile|1
AAGCAACAACAGATTAGTTTTTTTTGAATTAGAGCTACAGTGCTTGTGTTTTGTAAATTTGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0161_Genome_Tile|1
TTTTGAATTAGAGCTACAGTGCTTGTGTTTTGTAAATTTGTTATTACTTTGCCTGACTTAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0181_Genome_Tile|1
GCTTGTGTTTTGTAAATTTGTTATTACTTTGCCTGACTTAGCTAGCTTTCATTGTAAAAAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0201_Genome_Tile|1
ATTACTTTGCCTGACTTAGCTAGCTTTCATTGTAAAAAGTTAGCTCTTGTTTATAGAGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0241_Genome_Tile|1
TAGCTCTTGTTTATAGAGATGGTATTGCTTTTGCTGCGTGCGCTAAATGCTTAAGATTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0261_Genome_Tile|1
GGTATTGCTTTTGCTGCGTGCGCTAAATGCTTAAGATTGTCTGCTATCTTTGAAAATGAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0281_Genome_Tile|1
CGCTAAATGCTTAAGATTGTCTGCTATCTTTGAAAATGAGAGATATTATACTTGCTCTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0301_Genome_Tile|1
CTGCTATCTTTGAAAATGAGAGATATTATACTTGCTCTATAAAAGCTTACTTGCTATCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0321_Genome_Tile|1
AGATATTATACTTGCTCTATAAAAGCTTACTTGCTATCTGATTTGATTGGTAGACCTTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0341_Genome_Tile|1
AAAAGCTTACTTGCTATCTGATTTGATTGGTAGACCTTTGAGTGAAATCGCAATTCGCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0381_Genome_Tile|1
AGTGAAATCGCAATTCGCTGTGAAAATGTATGTGTTTGTGGATTATATTGAAAAGTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0401_Genome_Tile|1
TGAAAATGTATGTGTTTGTGGATTATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCACGGTGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0421_Genome_Tile|1
TGGATTATATTGAAAAGTACGATTGTATTTGTCACGGTGGTTATTTTCATTTAGTTAGAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0441_Genome_Tile|1
GATTGTATTTGTCACGGTGGTTATTTTCATTTAGTTAGAGGTAATTGGAGGGGCTGTTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0461_Genome_Tile|1
TTATTTTCATTTAGTTAGAGGTAATTGGAGGGGCTGTTGTAGAAATTGTTACGAACATGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0541_Genome_Tile|1
CCTGATATTGTTTTAGAAGAGCTTGTGTTTGCCTGTGAATTTGCTTAGTGACGAATCTATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0561_Genome_Tile|1
GCTTGTGTTTGCCTGTGAATTTGCTTAGTGACGAATCTATTGAAACTGATGACATAGCAGA

>HPV50_Gamma_9628550_nt0581_Genome_Tile|1
TGCTTAGTGACGAATCTATTGAACTGATGACATAGCAGAATCTGAAAGGTCACCATTCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0601_Genome_Tile|1
GAAACTGATGACATAGCAGAATCTGAAAGGTCACCATTCAAGATTGATTCTACGTGTAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0621_Genome_Tile|1
ATCTGAAAGGTCACCATTCAAGATTGATTCTACGTGTAAGCATTGTCATTGTCGCGTTAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0641_Genome_Tile|1
AGATTGATTCTACGTGTAAGCATTGTCATTGTCGCGTTAGACTGTGTTGTGTCGCCACCG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0761_Genome_Tile|1
AGTGCTCCAAAAGAATTGCTACGAAATGGCAGAACTTAAAGGTACAGATAATAATTCTAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0821_Genome_Tile|1
GTAGAAATTATTAATGAGTTGTTTGATAATGAAGCTGTCTGTGATGATGATTCTTTTCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0881_Genome_Tile|1
GAATTGTTTGATGAAAGTACGGATGAATCTACTATCTCTAATTTAATAGATGACTCTGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0901_Genome_Tile|1
GGATGAATCTACTATCTCTAATTTAATAGATGACTCTGAAAACGTTGTGCAGGGGAATTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0921_Genome_Tile|1
ATTTAATAGATGACTCTGAAAACGTTGTGCAGGGGAATTTCCCATGCATTACTAAATGCAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0961_Genome_Tile|1
CCATGCATTACTAAATGCACAGCTTTCAGAGGAATATGACAAAGACCTGGTTACAGTAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0981_Genome_Tile|1
AGCTTTCAGAGGAATATGACAAAGACCTGGTTACAGTAAAACGAAAGTTTTATGCCACCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1001_Genome_Tile|1
AAAGACCTGGTTACAGTAAAACGAAAGTTTTATGCCACCCCGGAAAAGCTCGCCTCTGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1021_Genome_Tile|1
ACGAAAGTTTTATGCCACCCCGGAAAAGCTCGCCTCTGATTTGAGTCCGAGACTTTCAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1161_Genome_Tile|1
TTGTTCAGGTACAGGATGATAGTTCGAATGTGGCGGGAAACAAAAATGGCGCTGATGCGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1181_Genome_Tile|1
AGTTCGAATGTGGCGGGAAACAAAAATGGCGCTGATGCGGAGTTGTATTCGTTGCTTCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1221_Genome_Tile|1
AGTTGTATTCGTTGCTTCATAGCAATAATCGTAGAGCTGCTTTGCTTTGTAAGTTTAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1281_Genome_Tile|1
AAAAATATGGCATTCCATTTAATGAAATTACTAGAACTTTTAAAAGTAATAAGAGTTGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1301_Genome_Tile|1
AATGAAATTACTAGAACTTTTAAAAGTAATAAGAGTTGTACACAAAATTGGATTATTGTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1321_Genome_Tile|1
TAAAAGTAATAAGAGTTGTACACAAAATTGGATTATTGTAGTTTTTGCCTGTGCAGAAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1341_Genome_Tile|1
CACAAAATTGGATTATTGTAGTTTTTGCCTGTGCAGAAGATTTAATTGAAGCTTCTAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1361_Genome_Tile|1
GTTTTTGCCTGTGCAGAAGATTTAATTGAAGCTTCTAAAACCACGATGCAAAATCATGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1381_Genome_Tile|1
TTTAATTGAAGCTTCTAAAACCACGATGCAAAATCATGTTTCTTATTTACAAATGATTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1421_Genome_Tile|1
TCCTATTTACAAATGATTACTTCTGATTTTTTCAGCTTTGTATATTATTGCTTTAAGGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1441_Genome_Tile|1
TTCTGATTTTTTCAGCTTTGTATATTATTGCTTTAAGGCTGCTAAGAGCAGAGAGACTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1461_Genome_Tile|1
ATATTATTTGCTTTAAGGCTGCTAAGAGCAGAGAGACTGTTGTTAAATTGATTAATAGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1481_Genome_Tile|1
GCTAAGAGCAGAGAGACTGTTGTTAAATTGATTAATAGCTTGCTAAATACAAAAGAGGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1501_Genome_Tile|1
TGTTAAATTGATTAATAGCTTGCTAAATACAAAAGAGGAACAAGTACTATGTGATCCTCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1521_Genome_Tile|1

TGCTAAATACAAAAGAGGAACAAGTACTATGTGATCCTCCTAAAATAAAAAGTATGGCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1541_Genome_Tile|1
CAAGTACTATGTGATCCTCCTAAAATAAAAAGTATGGCTGCAGCATTATATTGCTATAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1561_Genome_Tile|1
TAAAATAAAAAGTATGGCTGCAGCATTATATTGCTATAAAAAGGTAATAGCAGATACCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1581_Genome_Tile|1
CAGCATTATATTGCTATAAAAAGGTAATAGCAGATACCTGTTATAAATATGGAGACTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1601_Genome_Tile|1
AAGGTAATAGCAGATACCTGTTATAAATATGGAGACTTTCCTGACTGGATAGCCACACAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1621_Genome_Tile|1
TTATAAATATGGAGACTTTCCTGACTGGATAGCCACACATACTGTTATAAATCATCAGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1641_Genome_Tile|1
CTGACTGGATAGCCACACATACTGTTATAAATCATCAGCTAGCAACTGCAGACAGCTTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1721_Genome_Tile|1
TGGGCATACGATAATGATATGCTGGATGAAGCTGCAATTGCTTACAATTATGCGTGCTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1741_Genome_Tile|1
GCTGGATGAAGCTGCAATTGCTTACAATTATGCGTGCTATGCAAGTGAAAATGAAAATGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1761_Genome_Tile|1
CTTACAATTATGCGTGCTATGCAAGTGAAAATGAAAATGCAGCTGCATTTTTACAACTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1821_Genome_Tile|1
ATAGTCAATTAAAGTATGTTAAGGAATGTTGTGCAATGGTCAGGTTATACAAAAAGCAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1841_Genome_Tile|1
AAGGAATGTTGTGCAATGGTCAGGTTATACAAAAAGCAAGAAATGAGGAATATGACTATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1861_Genome_Tile|1
CAGGTTATACAAAAAGCAAGAAATGAGGAATATGACTATGCCAGAATGGATTAAATCATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1921_Genome_Tile|1
TTTCACAAATAATTATAATTCTGATGATTGGAAAGTTATTGTAAGATATTTAAATATCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2001_Genome_Tile|1
TTTTGTAGCTTTAAAGTTACTTTTAAAAGGCATACCTAAAAAATGTGCTTAGTTATTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2081_Genome_Tile|1
AAGTCATACTTTTGTATCAATTTATTCAGTTTATGAGAGGAAAAGTTGTATCCTTCATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2101_Genome_Tile|1
ATTTATTTCAGTTTATGAGAGGAAAAGTTGTATCCTTCATGAACAAAAATAGTCATTTTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2121_Genome_Tile|1
GAAAAGTTGTATCCTTCATGAACAAAAATAGTCATTTTTTGTTAATGCCTTTATTAGATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2141_Genome_Tile|1
AACAAAAATAGTCATTTTTTGTTAATGCCTTTATTAGATTCAAAAAATAGGATTTTTAGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2161_Genome_Tile|1
GTTAATGCCTTTATTAGATTCAAAAAATAGGATTTTTAGATGATGCAACTCAATGTTGTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2221_Genome_Tile|1
GATGTATTTGGACACACATGAGAAATGCATTTGATGGTAATGCAGTTTCTGTTGATGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2261_Genome_Tile|1
AATGCAGTTTCTGTTGATGTGAAACATAAAAAATTTACAACAAATAGTTTACCACCTATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2281_Genome_Tile|1
GAAACATAAAAAATTTACAACAAATAGTTTACCACCTATGTTAATAACAACAAATTGTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2301_Genome_Tile|1
AAATAGTTTACCACCTATGTTAATAACAACAAATTGTGATGTATGCAGAGATCCAACGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2321_Genome_Tile|1
TTAATAACAACAAATTGTGATGTATGCAGAGATCCAACGTTTATGTACTTAAGGAGTAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2341_Genome_Tile|1
TGTATGCAGAGATCCAACGTTTATGTACTTAAGGAGTAGATTAAACATGTTTTAACTTTCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2361_Genome_Tile|1
TTATGTACTTAAGGAGTAGATTAAACATGTTTTAACTTTCCAAATAAGTTACCATTGTATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2381_Genome_Tile|1
TTAACATGTTTTAACTTTCCAAATAAGTTACCATTGTATGAAAATGGAGAACCAAAATTT

>HPV50_Gamma_9628550_nt2401_Genome_Tile|1
AAATAAGTTACCATTGTATGAAAATGGAGAACC AAAATTTAAATTTACTGATAATTGCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2421_Genome_Tile|1
AAAATGGAGAACC AAAATTTAAATTTACTGATAATTGCTGGACGCTCTTTTTTTAGCAAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2461_Genome_Tile|1
GACGCTCTTTTTTTAGCAAGTTTTTGAAGCACTTAGATTTACCTGAAGATGACCCAGATGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2561_Genome_Tile|1
AGACATTCAATTGAATCTGATTGAAAAAGATTCAAAAAATTTAAAAGACCATATAGACTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2581_Genome_Tile|1
TTGAAAAAGATTCAAAAAATTTAAAAGACCATATAGACTATTGGGAATCTATGAGAAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2601_Genome_Tile|1
TTAAAAGACCATATAGACTATTGGGAATCTATGAGAAAAGAACAAGTGCTTGCATTTTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2621_Genome_Tile|1
TTGGGAATCTATGAGAAAAGAACAAGTGCTTGCATTTTATGCAAAAAAGAAAATATGAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2641_Genome_Tile|1
AACAAGTGCTTGCATTTTATGCAAAAAAGAAAATATGAGCAGGCTTGGATTACAACCTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2661_Genome_Tile|1
GCAAAAAAGAAAATATGAGCAGGCTTGGATTACAACCTCTTCCTCCTGCTAAGGTTTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2701_Genome_Tile|1
TTCCTCCTGCTAAGGTTTCTGAGCAAAAAGCAAAAGATGCAATTAGAATTCAATTACTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2741_Genome_Tile|1
AATTAGAATTC AATTACTTTTGCAATCCTTGTATAAGTCTGATTTTGGGTCTGAACCATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2761_Genome_Tile|1
TGCAATCCTTGTATAAGTCTGATTTTGGGTCTGAACCATGGACTTTATCAGAATGTAGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2781_Genome_Tile|1
GATTTTGGGTCTGAACCATGGACTTTATCAGAATGTAGTTTAGAAATGTTAAATGCACCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2801_Genome_Tile|1
GACTTTATCAGAATGTAGTTTAGAAATGTTAAATGCACCTCCTAGAAATGTTTTAAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2821_Genome_Tile|1
TAGAAATGTTAAATGCACCTCCTAGAAATGTTTTAAAAAACAACCGTTTACTGTAACTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt2901_Genome_Tile|1
AAAAATGTGTATCCTTATATATGTTATGAATATATATATTATCAAGATGATAGAGACAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2921_Genome_Tile|1
ATGTTATGAATATATATATTATCAAGATGATAGAGACAAATGGCATAAAGTTAAAGGTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2961_Genome_Tile|1
TGGCATAAAGTTAAAGGTCTAGTGGATCACAATGGCCTTTATTTTAAAGAAGTGACTGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2981_Genome_Tile|1
AGTGGATCACAATGGCCTTTATTTTAAAGAAGTGACTGGTGATTCAGTATACTTTAAACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3001_Genome_Tile|1
ATTTTAAAGAAGTGACTGGTGATTCAGTATACTTTAAACTCTTTCAACCTGATGCCACTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3101_Genome_Tile|1
CAAACTATTCATTCCTCTGTCACTAGCTCCTCAAGGAGTGCGTTTGGGCCTGCTGACGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3121_Genome_Tile|1
TCACTAGCTCCTCAAGGAGTGCGTTTGGGCCTGCTGACGAACAGCCCGGCCTTCCACAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3181_Genome_Tile|1
CGTACGACAAGAGCCAACAGGAAAGATCTGGAAGCGGTCAACCAAAAGCCCTACAGGACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3201_Genome_Tile|1
GAAAGATCTGGAAGCGGTCAACCAAAAGCCCTACAGGACACCGAACCCACCTCGACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3221_Genome_Tile|1
ACCAAAAGCCCTACAGGACACCGAACCCACCTCGACATCAACAGTACGACTTTCGACG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3241_Genome_Tile|1
CCGAACCAACCCACCTCGACATCAACAGTACGACTTCGACGAGGACGACGAGAAAGAGAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt3281_Genome_Tile|1
AGGACGACGAGAAAGAGAACACCATTCTACAGACACAGAAAGTCACAATCAGAATTGGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3301_Genome_Tile|1

ACCATTCCTACAGACACAGAAAGTCACAATCAGAATTGGGAGCCGACTCTGCGCCAACTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt3361_Genome_Tile|1
CTGAAGAAGTGGGAAGAAGATCTCACACAGTTGCAGCGCATGGTCTGTCAAGACTTAGAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt3441_Genome_Tile|1
GATCCACCAGTCCCTAATTATTACAGGTCAACAGAATAATCTTAAATGTTGGAGGTATAGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3481_Genome_Tile|1
TTAAATGTTGGAGGTATAGGTTCTCACAAAAATATGCAGATCTCTATGAGTGTTGTAGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3501_Genome_Tile|1
TTCTCACAAAAATATGCAGATCTCTATGAGTGTTGTAGCTCTGCATGGAAGTGGTTGGGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt3521_Genome_Tile|1
TCTCTATGAGTGTTGTAGCTCTGCATGGAAGTGGTTGGGCCCAAAATCAGAGGGATACAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3541_Genome_Tile|1
CTGCATGGAAGTGGTTGGGCCCAAAATCAGAGGGATACAGGGGTGATGCTAAATTGCTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3561_Genome_Tile|1
CCAAAATCAGAGGGATACAGGGGTGATGCTAAATTGCTTATTGCTTTTAAAAATCCTGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3581_Genome_Tile|1
GGGTGATGCTAAATTGCTTATTGCTTTTAAAAATCCTGAACAAAGGCTATCTTTTTTAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3641_Genome_Tile|1
CACTGTTGGATTACCCAAAAATACTACGTACTCTATGGGACATTTGGACTCTCTATAATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3841_Genome_Tile|1
ATACTTTGGCAATTTGGGAATTGGAACAGGAAGAGGAAGTGGGGTACTTTTGGCTATAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3881_Genome_Tile|1
GGGGGTACTTTTGGCTATAGACCTTTTGGGGCCCTGGGTCTGGAAGGCCAACTCAGGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3901_Genome_Tile|1
ACCTTTTGGGGCCCTGGGTCTGGAAGGCCAACTCAGGAAGTACCTATCGCAAGACCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3941_Genome_Tile|1
CTACCTATCGCAAGACCAAATGTTGTTATAGATCCATTAGGGCCAGCGCCTATTGTACCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3981_Genome_Tile|1
GGCCAGCGCCTATTGTACCAGTAGATCCCTCTGCAGCTTCAATAGTTCCATTAGTAGAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4001_Genome_Tile|1
GTAGATCCCTCTGCAGCTTCAATAGTTCCATTAGTAGAAGGCGCCCTGATGTTGGATTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4061_Genome_Tile|1
GCAGCTCCAGATGCTGGACCTGCAGCAGGTGGAAGTATGATATTGAATTATATACTATAACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4081_Genome_Tile|1
TGCAGCAGGTGGAAGTATGATATTGAATTATATACTATAACAAATTCCACAACAGATGTTGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4121_Genome_Tile|1
AATTCCACAACAGATGTTGGTGCTGTTGGTGGTGGGCCCACTGTTACCTCTAACGAAGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4141_Genome_Tile|1
TGCTGTTGGTGGTGGGCCCACTGTTACCTCTAACGAAGAATTTGAAGTAGCTGTTATAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4181_Genome_Tile|1
TTTGAAGTAGCTGTTATAGATGCACAACCAATTGCACCCTATCCAAAGCAATTATTATAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4221_Genome_Tile|1
ATCCAAAGCAATTATTATATGACTCTACTATAGCAGCAACTTTTGAAACACAGATTAATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4241_Genome_Tile|1
GACTCTACTATAGCAGCAACTTTTGAAACACAGATTAATCCCTTCATAAATCCAGACATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4261_Genome_Tile|1
TTTTGAAACACAGATTAATCCCTTCATAAATCCAGACATAAATAATGTTAATGTATTAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4301_Genome_Tile|1
AATAATGTTAATGTATTAGTTGACCCAGCTTTGCAGGAGACACTGTAGGTGACTACTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4321_Genome_Tile|1
TGACCCAGCTTTGCAGGAGACACTGTAGGTGACTACTTTTATGAAGAGATACCTTTGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4341_Genome_Tile|1
ACACTGTAGGTGACTACTTTTATGAAGAGATACCTTTGGAACGTTTAGATATTCAAACCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4381_Genome_Tile|1
ACGTTTAGATATTCAAACCTTTGACATTTTAGAGCCACCTACTGAAAGCACGCCACCCA

>HPV50_Gamma_9628550_nt4401_Genome_Tile|1
TTGACATTTTAGAGCCACCTACTGAAAGCACGCCACCCAATTAGGTAATAGGTTTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4441_Genome_Tile|1
ATTAGGTAATAGGTTTGTCTAGGGCAAGAGATCTGTACAGTCGATTTGTTGCACAGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4481_Genome_Tile|1
AGTCGATTTGTTGCACAGCAGCCAATATCTGAGCCAGATTTTTTGTAGTCAACCTTCCCGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4501_Genome_Tile|1
GCCAATATCTGAGCCAGATTTTTTGTAGTCAACCTTCCCGCCTTGTTCAGTTTGAATATAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4541_Genome_Tile|1
CTTGTTCAGTTTGAATATAGAAATCCCGCCTTTGACCCAGATGTGAGCCTATACTTTGAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4621_Genome_Tile|1
GGCAGCGCCATTGCAGGAATTTGCTGATGTAGTTTATTTAGGCAGGCCAAGAGTATCCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4641_Genome_Tile|1
TTGCTGATGTAGTTTATTTAGGCAGGCCAAGAGTATCCAGCACCTCAGAAGGTACAATAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4661_Genome_Tile|1
GGCAGGCCAAGAGTATCCAGCACCTCAGAAGGTACAATAAGAGTAAGTAGATTAGGTACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4681_Genome_Tile|1
CACCTCAGAAGGTACAATAAGAGTAAGTAGATTAGGTACCAGAGCAGCTTTAACAACACG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4701_Genome_Tile|1
GAGTAAGTAGATTAGGTACCAGAGCAGCTTTAACAACACGTAGTGGTCTTTCTGTGGGAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4721_Genome_Tile|1
AGAGCAGCTTTAACAACACGTAGTGGTCTTTCTGTGGGACCTCAGGTACACTTTTATATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4741_Genome_Tile|1
TAGTGGTCTTTCTGTGGGACCTCAGGTACACTTTTATATGGATTTAAGTGATATACCTCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4781_Genome_Tile|1
GATTTAAGTGATATACCTCCAGAGGATTCTATAGAGTTGCATACATTAAACGTTACACCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4801_Genome_Tile|1
AGAGGATTCTATAGAGTTGCATACATTAAACGTTACACCACAAACAAGTACAATTGTAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4821_Genome_Tile|1
ATACATTAAACGTTACACCACAAACAAGTACAATTGTAGATGATATATTAGCAACAACCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4841_Genome_Tile|1
CAAACAAGTACAATTGTAGATGATATATTAGCAACAACCTACATTTGATGATCCTGCAAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4861_Genome_Tile|1
TGATATATTAGCAACAACCTACATTTGATGATCCTGCAAACCTCCTTATTTACACAGTTTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4881_Genome_Tile|1
CATTTGATGATCCTGCAAACCTCCTTATTTACACAGTTTAAATGAAGATGTATTAACAGACG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4901_Genome_Tile|1
TCCTTATTTACACAGTTTAAATGAAGATGTATTAACAGACGATGTTGAACATAATTTTACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4921_Genome_Tile|1
TGAAGATGTATTAACAGACGATGTTGAACATAATTTTACAGAGTCTCATTTAGTTATACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4941_Genome_Tile|1
ATGTTGAACATAATTTTACAGAGTCTCATTTAGTTATACCAGCTACTGATGAAGAAAATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4961_Genome_Tile|1
GAGTCTCATTTAGTTATACCAGCTACTGATGAAGAAAATGACACAGCAATAAATATTATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5021_Genome_Tile|1
AATTTAAGAAATATTCCTCTTACTGTGGGCATGAATTCAGGTGACATATCTACTACATTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5041_Genome_Tile|1
TACTGTGGGCATGAATTCAGGTGACATATCTACTACATTATCAGATTATAATATTTTAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5061_Genome_Tile|1
GTGACATATCTACTACATTATCAGATTATAATATTTTAGATGCATCCTTGATAGTAAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5081_Genome_Tile|1
TCAGATTATAATATTTTAGATGCATCCTTGATAGTAAAATCAAATGTTTCTGAACAGCCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5101_Genome_Tile|1
TGCATCCTTGATAGTAAAATCAAATGTTTCTGAACAGCCCCTTTTGTTTTAGATTATTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5141_Genome_Tile|1

CTTTTTGTTTGTAGATTATTCAGATTATGATTACATCCAGGTCTTCTTCCAAAAAGAAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5161_Genome_Tile|1
AGATTATGATTACATCCAGGTCTTCTTCCAAAAAGAAGACGCATAGATTATTTTAAATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5221_Genome_Tile|1
TATTTTACAGATGGCTCATTGGTCCTCAACCTCTGGAAAGTTATACCTTCCACCAAGTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6721_Genome_Tile|1
AACTGATTACACTGTTGCTACAGTTTCCAAACCAAACAAGAGAAAACGTACCAGATAAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6761_Genome_Tile|1
AGAAAACGTACCAGATAAGCTGCTGACATGCTTTCTTGGCTTTACTGTGAATATTGTACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6781_Genome_Tile|1
TGCTGACATGCTTTCCTTGGCTTTACTGTGAATATTGTACTGTGAATTCTATACTGTGAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6801_Genome_Tile|1
TTTACTGTGAATATTGTACTGTGAATTCTATACTGTGAATGCTTTAGATCTGAGTCTTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6821_Genome_Tile|1
GTGAATTCTATACTGTGAATGCTTTAGATCTGAGTCTTGAACATTTACAAAAATGAATAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6901_Genome_Tile|1
GGTGTGTGTTGTCCTTGTAGTCAGAGTTATTTACTCCCGCCCTTTGTAGTATAAATATGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6921_Genome_Tile|1
CAGAGTTATTTACTCCCGCCCTTTGTAGTATAAATATGTTGCACCTCTGTGATCAATCAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6941_Genome_Tile|1
CTTTGTAGTATAAATATGTTGCACCTCTGTGATCAATCATGTTGACCAGCTGGACGTGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt7041_Genome_Tile|1
AAGTTTGTATGCCTTTAGGGAATATAAAGCGACCGAAGTCGGTACTTGCTAACAAAGATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt7081_Genome_Tile|1
GGTACTTGCTAACAAAGATAAATCTCACGAGTTAGAACAAACCTCTGAGTCACCTCAGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt7101_Genome_Tile|1
AAATCTCACGAGTTAGAACAAACCTCTGAGTCACCTCAGTGCAGCTGGCAGAAGAAAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0001_Genome_Tile|1
TCTGACGCATAATAATTGTTGGCAACAATCGTGCATAATAAAGTGGAGACGAGTACAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0021_Genome_Tile|1
GGCAACAATCGTGCATAATAAAGTGGAGACGAGTATCATATAAATACTGCTGAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0061_Genome_Tile|1
TCATATAAATACTGCTGAACAGTAGATTTCTTCAGAAGCTGATGGAGCCACAATTTCTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0081_Genome_Tile|1
AGTAGATTTCTTCAGAAGCTGATGGAGCCACAATTTCTTACTGATTTGGATTTCATACTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0101_Genome_Tile|1
GATGGAGCCACAATTTCTTACTGATTTGGATTTCATACTGCAATATTTTAACATAAGCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0121_Genome_Tile|1
CTGATTTGGATTTCATACTGCAATATTTTAACATAAGCTTTTTTGGACTTAGTTCCTAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0141_Genome_Tile|1
AAATATTTTAACATAAGCTTTTTTGGACTTAGTTCCTAAGTGTATCTTTTGTAAATTTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0161_Genome_Tile|1
TTTTGGACTTAGTTCCTAAGTGTATCTTTTGTAAATTTTCTGTATCTATTGTTGATCTTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0181_Genome_Tile|1
GTATCTTTTGTAAATTTTCTGTATCTATTGTTGATCTTGCTTCTTTTCATAACAAACGAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0201_Genome_Tile|1
GTATCTATTGTTGATCTTGCTTCTTTTCATAACAAACGACTGTCTGTAATTTGGAGAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0221_Genome_Tile|1
TTCTTTTCATAACAAACGACTGTCTGTAATTTGGAGAGATAATACACCATTTGCATGTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0241_Genome_Tile|1
TGTCTGTAATTTGGAGAGATAATACACCATTTGCATGTTGTACTAAATGTTTAAGATTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0261_Genome_Tile|1
AATACACCATTTGCATGTTGTACTAAATGTTTAAGATTAACTGCATTATATGAAAAAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0281_Genome_Tile|1
TACTAAATGTTTAAGATTAACTGCATTATATGAAAAAGATAATTTTTTTGTCTGTACTGC

>HPV48_Gamma_9628542_nt0301_Genome_Tile|1
CTGCATTATATGAAAAAGATAATTTTTTTGTCTGTACTGCAAAAAGTCATTTGTTAACTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0361_Genome_Tile|1
GTTTAGTTAAAAAGGAATTGTCAGATATTAATATTAGGTGCCAACATTGTTATTCATTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0461_Genome_Tile|1
TGATTTTCTGTTAATTCGCGGGACTTGGAGAGGTGTTTGTAGAAATTGTATCAGCCATGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0541_Genome_Tile|1
CCTGACATAGAGTTAGAAGAGCTTGTTTTGCCTGCTAACTTAATTTCTGACGAGTCATTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0561_Genome_Tile|1
GCTTGTTTTGCCTGCTAACTTAATTTCTGACGAGTCATTGTCCACCAGATGCTACTGCAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0581_Genome_Tile|1
TAATTTCTGACGAGTCATTGTCCACCAGATGCTACTGCAGAGGAGGAGTTTTGTCCGTACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0661_Genome_Tile|1
AATTGTGGCTGTCGCATAAGGGTGACAGTCGCTGCAACTGAATTTGGAATACGTTGTTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0681_Genome_Tile|1
GGTGACAGTCGCTGCAACTGAATTTGGAATACGTTGTTTTGAGCAACTGTTACTGAAAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0701_Genome_Tile|1
AATTTGGAATACGTTGTTTTGAGCAACTGTTACTGAAAGAGCTTTGTTTATTTTGTCCCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0741_Genome_Tile|1
GCTTTGTTTATTTTGTCCGTGCTCCAGACAACCTCCCCGCAATGGCAGATCATAAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0781_Genome_Tile|1
CGCAATGGCAGATCATAAAGGTACTGATAATATTGATCATAATGATGTTTTAGATGGGTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0801_Genome_Tile|1
GTACTGATAATATTGATCATAATGATGTTTTAGATGGGTCTTGGTGTTTAATAACTGAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0821_Genome_Tile|1
AATGATGTTTTAGATGGGTCTTGGTGTTTAATAACTGAAGCTGAATGTGAGGACGATACG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0841_Genome_Tile|1
TTGGTGTTTAATAACTGAAGCTGAATGTGAGGACGATACGTTAGTGGATTGTGTTGAGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0861_Genome_Tile|1
CTGAATGTGAGGACGATACGTTAGTGGATTGTGTTGAGGAGAGCACAAATGACTCTGTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0881_Genome_Tile|1
TTAGTGGATTGTGTTGAGGAGAGCACAAATGACTCTGTAGTTTCGAATCTGTTAGACGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0901_Genome_Tile|1
GAGCACAAATGACTCTGTAGTTTCGAATCTGTTAGACGATTCCGAAAGTATAATTCAGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0921_Genome_Tile|1
TTTCGAATCTGTTAGACGATTCCGAAAGTATAATTCAGGGGAATTCTGAGGAAAGTGACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0941_Genome_Tile|1
TCCGAAAGTATAATTCAGGGGAATTCTGAGGAAAGTGACCGCTGTATTCAGGAGCTAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0961_Genome_Tile|1
GAATTCTGAGGAAAGTGACCGCTGTATTCAGGAGCTAAAAAGAAAGTTAAATGTTACTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0981_Genome_Tile|1
GCTGTATTCAGGAGCTAAAAAGAAAGTTAAATGTTACTCCTGAAAAACAGATCTCAGAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1001_Genome_Tile|1
AGAAAGTTAAATGTTACTCCTGAAAAACAGATCTCAGAGCTAAGTCCGCGGTTATCGGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1021_Genome_Tile|1
TGAAAAACAGATCTCAGAGCTAAGTCCGCGGTTATCGGCAGTGCATATAACGCCTGAGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1041_Genome_Tile|1
TAAGTCCGCGGTTATCGGCAGTGCATATAACGCCTGAGAGAGCATCTAAGCGGAGACTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1061_Genome_Tile|1
GTGCATATAACGCCTGAGAGAGCATCTAAGCGGAGACTGTTTAAATGATAGTGGAGTTGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1121_Genome_Tile|1
GAAGATGAAGCTGAAAGTAATACTATTTCAGGTAGATTCACTGTTGGTGAAAAAGACGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1181_Genome_Tile|1
GGAAATCAAAATGGCGCTGAGTGTGAACTTAATTTCTATTTTGCCTAGTAATAATATCAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1201_Genome_Tile|1

GTGTGAACTTAATTCATTTTTCGCTAGTAATAATATCAGAGCTACTGTACTTTGCAAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1221_Genome_Tile|1
TGCGTAGTAATAATATCAGAGCTACTGTACTTTGCAAATTTAAAGATAAAATTTGGGGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1261_Genome_Tile|1
TAAAGATAAAATTTGGGGTTTCATTTAATGAGCTTACAAGAAGTTTTAAAAGTGATAAGAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1301_Genome_Tile|1
AGTTTTTAAAAGTGATAAGACATGTACACCAAATTTGGGTAATAACAGCAATAGGTATTAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1321_Genome_Tile|1
ATGTACACCAAATTTGGGTAATAACAGCAATAGGTATTAGAGAAGATTTACGAGATGCTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1341_Genome_Tile|1
TAACAGCAATAGGTATTAGAGAAGATTTACGAGATGCTTGTAAGTTTATTACAGCAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1361_Genome_Tile|1
GAAGATTTACGAGATGCTTGTAAGTTTATTACAGCAACATGTTGAGTTTTTAGAAATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1381_Genome_Tile|1
TAAAGTTTTATTACAGCAACATGTTGAGTTTTTAGAAATGATTTGCAATGATTTTTCTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1401_Genome_Tile|1
ATGTTGAGTTTTTAGAAATGATTTGCAATGATTTTTCTGTGCTACTATTGGTAGAATTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1421_Genome_Tile|1
ATTTGCAATGATTTTTCTGTGCTACTATTGGTAGAATTTAAGGTAACATAAAATAGAGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1441_Genome_Tile|1
GCTACTATTGGTAGAATTTAAGGTAACATAAAATAGAGAAACGGTTTTAAAGTTAATGTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1461_Genome_Tile|1
AGGTAACATAAAATAGAGAAACGGTTTTAAAGTTAATGTGTAGTATGTTAAATGCTAAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1481_Genome_Tile|1
ACGGTTTTAAAGTTAATGTGTAGTATGTTAAATGCTAAAGAAGAACAATTTTGTGTGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1501_Genome_Tile|1
TAGTATGTTAAATGCTAAAGAAGAACAATTTTGTGTGAACCGCCAAAATTTGAAAAGTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1521_Genome_Tile|1
AAGAACAATTTTGTGTGAACCGCCAAAATTTGAAAAGTACAGCTGCAGCTTTATATTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1541_Genome_Tile|1
CCGCCAAAATTTGAAAAGTACAGCTGCAGCTTTATATTTCTATAAGAAGATTATAACTGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1561_Genome_Tile|1
AGCTGCAGCTTTATATTTCTATAAGAAGATTATAACTGATACATGTTTTAAATATGGCAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1581_Genome_Tile|1
ATAAGAAGATTATAACTGATACATGTTTTAAATATGGCACTTTGCCTTCCTGGGTTAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1601_Genome_Tile|1
ACATGTTTTAAATATGGCACTTTGCCTTCCTGGGTTAGTAGATTAACTATAGTAGAACAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1641_Genome_Tile|1
GATTAACTATAGTAGAACATCAGTTAGCTTCAGCAGACACATTTTCATTATCTGAAATGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1721_Genome_Tile|1
GATTTTACTGAAGAAGCATCTGTTGCTTATAATTATGCATGTTATGCCACAGAAAATACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1921_Genome_Tile|1
TATTGGTGAAGAGTGGAAAGAAATGTACAGTTTTTAAAATATCAGGGAGTAACTTTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1961_Genome_Tile|1
TATCAGGGAGTAACTTTTTAGAAATTTTAATAGCTTTAAACAATTTTTTAAATGCACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2081_Genome_Tile|1
TTTAAATTAGTACAATTTTTGAAAGGTCAAGTTGTATCTTATATTAACAAATCGAGTCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2101_Genome_Tile|1
GAAAGGTCAAGTTGTATCTTATATTAACAAATCGAGTCAGTTTTGGTTAATGCCATTACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2121_Genome_Tile|1
ATATTAACAAATCGAGTCAGTTTTTGGTTAATGCCATTACAAGATGCTAAAATTTGGTTTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2241_Genome_Tile|1
ATGGTAACACGTTTTTGTTTAGATATTAACATAAAAACCTGCAACAGACAAAACCTCCAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2261_Genome_Tile|1
GATATTAAACATAAAAACCTGCAACAGACAAAACCTCCACCTATGATAATAACTACTAAT

>HPV48_Gamma_9628542_nt2281_Genome_Tile|1
GCAACAGACAAAACCTCCACCTATGATAATAACTACTAATGTTAATGTAACAACTGATGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2301_Genome_Tile|1
CTATGATAATAACTACTAATGTTAATGTAACAACTGATGAATCTCTATTTTATTTGAGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2321_Genome_Tile|1
GTTAATGTAACAACTGATGAATCTCTATTTTATTTGAGAAGTAGACTTACGTGTTTCAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2341_Genome_Tile|1
ATCTCTATTTTATTTGAGAAGTAGACTTACGTGTTTCAATTTTCCGAATAAGTTACCAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2361_Genome_Tile|1
GTAGACTTACGTGTTTCAATTTTCCGAATAAGTTACCAATGTCTGACAAAGATGAACCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2381_Genome_Tile|1
TTTCCGAATAAGTTACCAATGTCTGACAAAGATGAACCTTGTGTTACCATTTCTGACAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2521_Genome_Tile|1
GCACCCGTTTGTCTGCACAGCAAGAAATTCAGTTGACTTTGATTGAAAAAGAATCTTATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2541_Genome_Tile|1
CAAGAAATTCAGTTGACTTTGATTGAAAAAGAATCTTATGATCTTAAAGATCATTTAGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2561_Genome_Tile|1
GATTGAAAAAGAATCTTATGATCTTAAAGATCATTTAGCATACTGGAAAGCTGTAAGATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2581_Genome_Tile|1
ATCTTAAAGATCATTTAGCATACTGGAAAGCTGTAAGATTAGAAAATGTTATTGCCTATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2601_Genome_Tile|1
TACTGGAAAGCTGTAAGATTAGAAAATGTTATTGCCTATTATGCTAGAAAAGAACATATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2641_Genome_Tile|1
ATGCTAGAAAAGAACATATTACTAAATTAGGTCTGCAGCCATTACCAACATTAGCTGTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2701_Genome_Tile|1
CTGAATATAAAGCAAAAGAAGCAATTAATATACAGCTGCTTATTCAAAGTTTATTGAAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2741_Genome_Tile|1
TATTCAAAGTTTATTGAAATCAGAGTTTGCCTTGGAAAGATGGACTCTTGCAGAAACTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2761_Genome_Tile|1
CAGAGTTTGCCTTGGAAAGATGGACTCTTGCAGAAACTAGTGCAGAAACTATAAACAGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2781_Genome_Tile|1
TGGACTCTTGCAGAAACTAGTGCAGAAACTATAAACAGTTCCCCCAGAAATTGTTTCAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2801_Genome_Tile|1
TGCAGAAACTATAAACAGTTCCCCCAGAAATTGTTTCAAAAAGTACCTTTCATTGTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2821_Genome_Tile|1
CCCCCAGAAATTGTTTCAAAAAGTACCTTTCATTGTAAATGTATGGTTTGATAATGATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2841_Genome_Tile|1
AAAGTACCTTTCATTGTAAATGTATGGTTTGATAATGATGAAAGAAATTCCTTTCCTTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2861_Genome_Tile|1
TGTATGGTTTGATAATGATGAAAGAAATTCCTTTCCTTATACCTGTTGGGATTTTATATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2901_Genome_Tile|1
ACCTGTTGGGATTTTATATATTATCAAGATGACCAAAACAAATGGCACAAGACTGAAGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2921_Genome_Tile|1
TTATCAAGATGACCAAAACAAATGGCACAAGACTGAAGGGCTGGTTGATCATAATGGATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2941_Genome_Tile|1
AATGGCACAAGACTGAAGGGCTGGTTGATCATAATGGATGTTATTATGTAGATCTAAATG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2961_Genome_Tile|1
CTGGTTGATCATAATGGATGTTATTATGTAGATCTAAATGGTGATTTTGTATACTTTACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3101_Genome_Tile|1
TGTTACTAGCTCCTCGAGAAATACAAATCCCTCTTCTGAAAGCAGGGTCGGGCTCTCGAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3121_Genome_Tile|1
ATACAAATCCCTCTTCTGAAAGCAGGGTCGGGCTCTCGACCTCCAGCAGCTCGGAGAGCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3161_Genome_Tile|1
CTCCAGCAGCTCGGAGAGCCCTCGAAGGAGACCGAGCATCTCAGAAAACCTCCAACACCGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3261_Genome_Tile|1

CGACGAGAACCGAGAGAATCTGGAACCAACGACACCACACCCAGAAGACGAGGAACAAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3281_Genome_Tile|1
TGGAACCAACGACACCACACCCAGAAGACGAGGAACAAAGAGGAAATTGGGGTCCGACTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3361_Genome_Tile|1
TGGGATCAAGATCTACAACGCTTGCAAGACACGGTTACTCACGACTTGGACGATTACAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3441_Genome_Tile|1
TTAGTGTTATTTACAGGTCAACAAAATAATTTGAAATGTTGGAGAAATCGCTGTACTACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3461_Genome_Tile|1
ACAAAATAATTTGAAATGTTGGAGAAATCGCTGTACTACAAAATATGCTAGTTTATTTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3481_Genome_Tile|1
GGAGAAATCGCTGTACTACAAAATATGCTAGTTTATTTTTATGCTTCAGCTCTGTTTGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3501_Genome_Tile|1
AAATATGCTAGTTTATTTTTATGCTTCAGCTCTGTTTGGAAAGTGGCTTGGTCCTAATTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3521_Genome_Tile|1
ATGCTTCAGCTCTGTTTGGAAAGTGGCTTGGTCCTAATTCTGATGGGGGTGCTGCAAAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3541_Genome_Tile|1
AGTGGCTTGGTCCTAATTCTGATGGGGGTGCTGCAAAAGTGTAGTTGCATTTAAAAGTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3561_Genome_Tile|1
GATGGGGGTGCTGCAAAAGTGTTAGTTGCATTTAAAAGTGATGCCCAAAGACAAGTGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3581_Genome_Tile|1
GTTAGTTGCATTTAAAAGTGATGCCCAAAGACAAGTGTTCTTAAACACAGTTCATATTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3641_Genome_Tile|1
TAAAGGAACACTATAACTCTGGGAAGACTTGACAGTTTATAATGTCCCTTACGTAGAAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3661_Genome_Tile|1
TGGGAAGACTTGACAGTTTATAATGTCCCTTACGTAGAAGAAAAAGAGCAAGTCCTACTGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3681_Genome_Tile|1
TAATGTCCCTTACGTAGAAGAAAAAGAGCAAGTCCTACTGATCTTTATAAAACATGCTTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3701_Genome_Tile|1
AAAAGAGCAAGTCCTACTGATCTTTATAAAACATGCTTGCAAGGGGGGGACTGCATTCCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3821_Genome_Tile|1
AGTTTGGTATATTTTGGAAATTTGGGAATAGGATCTGGAAAAGGGTCTGGGGGATCATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3841_Genome_Tile|1
TTTGGGAATAGGATCTGGAAAAGGGTCTGGGGGATCATTTGGATATAGACCATTAGGATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3861_Genome_Tile|1
AAGGGTCTGGGGGATCATTTGGATATAGACCATTAGGATCCGCAGGAAGTGGAAGACCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3881_Genome_Tile|1
GGATATAGACCATTAGGATCCGCAGGAAGTGGAAGACCAGCCACAGACTTACCAGTGACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3901_Genome_Tile|1
CGCAGGAAGTGGAAGACCAGCCACAGACTTACCAGTGACTAGACCTAATGTTGTGATAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3921_Genome_Tile|1
CCACAGACTTACCAGTGACTAGACCTAATGTTGTGATAGAACCTATAGGTCCCTCAAAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3941_Genome_Tile|1
AGACCTAATGTTGTGATAGAACCTATAGGTCCCTCAAAGTATAGTACCCATTGATCCTGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3961_Genome_Tile|1
ACCTATAGGTCCCTCAAAGTATAGTACCCATTGATCCTGGAGCGTCATCTATAGTCCCTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3981_Genome_Tile|1
TAGTACCCATTGATCCTGGAGCGTCATCTATAGTCCCTCTTGTGAGGGAGGGCCTGATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4001_Genome_Tile|1
GCGTCATCTATAGTCCCTCTTGTGAGGGAGGGCCTGATATATCTTTTATTGCACCAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4021_Genome_Tile|1
TGTTGAGGGAGGGCCTGATATATCTTTTATTGCACCAGATGCAGGTCCAGGTATAGGAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4041_Genome_Tile|1
TATCTTTTATTGCACCAGATGCAGGTCCAGGTATAGGAGGTGAGGATATTGAACTATTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4081_Genome_Tile|1
TGAGGATATTGAACTATTCACCTTTAGAGATCCAGCAACTGATGTAGGTGGTGTAGTGG

>HPV48_Gamma_9628542_nt4101_Genome_Tile|1
CCTTTAGAGATCCAGCAACTGATGTAGGTGGTGTAGTGGAGGTCCTACTACTATTTCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4161_Genome_Tile|1
CAGAAGAAAGTGAGACAGCTATAATAGATGCTTTACCAAGTGCCACAACCTCCCAAACAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4181_Genome_Tile|1
ATAATAGATGCTTTACCAAGTGCCACAACCTCCCAAACAGTTGTTTTATGATTCTTATACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4201_Genome_Tile|1
TGCCACAACCTCCCAAACAGTTGTTTTATGATTCTTATACACAAACTATCTTGCAAACACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4221_Genome_Tile|1
TGTTTTATGATTCTTATACACAAACTATCTTGCAAACACAGGTAAACCCATTTTTTAAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4241_Genome_Tile|1
CAAACCTATCTTGCAAACACAGGTAAACCCATTTTTTAAATAATGCTATTAGTGATACTAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4261_Genome_Tile|1
GGTAAACCCATTTTTTAAATAATGCTATTAGTGATACTAATGTGTTTGTAGATCCATTATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4281_Genome_Tile|1
ATGCTATTAGTGATACTAATGTGTTTGTAGATCCATTATTTGCAGGAGAGACAATTGGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4301_Genome_Tile|1
GTGTTTGTAGATCCATTATTTGCAGGAGAGACAATTGGGGACAACATATTTGAAGAGATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4321_Genome_Tile|1
TGCAGGAGAGACAATTGGGGACAACATATTTGAAGAGATACCCCTGCAGAATTTAAATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4341_Genome_Tile|1
ACAACATATTTGAAGAGATACCCCTGCAGAATTTAAATTTTCAGTTTTCCGCGGGAAAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4381_Genome_Tile|1
CAGTTTTCCGCGGGAAAGTACACCTGTTAAACCTGGGAGGGGTTTACGAACACCAGCTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4401_Genome_Tile|1
CACCTGTTAAACCTGGGAGGGGTTTACGAACACCAGCTCAAAGATCTTACAGTAGATTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4421_Genome_Tile|1
GGTTTACGAACACCAGCTCAAAGATCTTACAGTAGATTTATGGAACAGTACCCAATCCAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4441_Genome_Tile|1
AAGATCTTACAGTAGATTTATGGAACAGTACCCAATCCAAGCTCCGGAATTTCTTAGTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4461_Genome_Tile|1
TGGAACAGTACCCAATCCAAGCTCCGGAATTTCTTAGTCAGCCTTCTCGATTGGTGCAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4521_Genome_Tile|1
TTGAGTTTGAAAATCCCGCCTTTGATCCAGATATTAGTATACAGTTCCAGCGTGATGTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4541_Genome_Tile|1
TTTGATCCAGATATTAGTATACAGTTCCAGCGTGATGTAAATAGCCTAGAGGCTGCGCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4561_Genome_Tile|1
ACAGTTCCAGCGTGATGTAAATAGCCTAGAGGCTGCGCCAAATCCAGCTTTTGCTGACAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4581_Genome_Tile|1
ATAGCCTAGAGGCTGCGCCAAATCCAGCTTTTGCTGACATTGCTTATTTAAGTAGGCCGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4601_Genome_Tile|1
AATCCAGCTTTTGCTGACATTGCTTATTTAAGTAGGCCGCACATGTCTGCTACATCAGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4621_Genome_Tile|1
TGCTTATTTAAGTAGGCCGCACATGTCTGCTACATCAGAAGGATTAGTCAGAGTCAGCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4641_Genome_Tile|1
ACATGTCTGCTACATCAGAAGGATTAGTCAGAGTCAGCAGAATTGGATCTCGAGCAGTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4661_Genome_Tile|1
GGATTAGTCAGAGTCAGCAGAATTGGATCTCGAGCAGTATTACAAACCAGGAGTGGATTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4681_Genome_Tile|1
AATTGGATCTCGAGCAGTATTACAAACCAGGAGTGGATTAACCTATAGGCCCTAAAGTACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4701_Genome_Tile|1
TACAAACCAGGAGTGGATTAACCTATAGGCCCTAAAGTACATTATTATATGGATTTGTCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4721_Genome_Tile|1
ACTATAGGCCCTAAAGTACATTATTATATGGATTTGTCTGCAATATCAACAGAAGCTATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4741_Genome_Tile|1

TTATTATATGGATTTGTCTGCAATATCAACAGAAGCTATAGAATTGCAAACCTTTGCAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4761_Genome_Tile|1
CAATATCAACAGAAGCTATAGAATTGCAAACCTTTGCAGATTCTGGACATGTTACACAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4781_Genome_Tile|1
GAATTGCAAACCTTTGCAGATTCTGGACATGTTACACAATAGTTGATGATTTCTTATCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4801_Genome_Tile|1
TTCTGGACATGTTACACAATAGTTGATGATTTCTTATCAGTTACTGCTTTAGATGATCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4821_Genome_Tile|1
TAGTTGATGATTTCTTATCAGTTACTGCTTTAGATGATCCAGCAAATATAGCTGATATAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4921_Genome_Tile|1
CTTTAATAATTCACATATTACAGTACAAGGGGTTGATGAGGAAGGAGAAACAGTTGCTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4941_Genome_Tile|1
CAGTACAAGGGGTTGATGAGGAAGGAGAAACAGTTGCTCTTCCAATTCCTTCAATTACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4961_Genome_Tile|1
GAAGGAGAAACAGTTGCTCTTCCAATTCCTTCAATTACTAATTCCTCCAAAACTTTTGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5001_Genome_Tile|1
ATTCTTCCAAAACTTTTGTTACAGACATTGCAGAAAATGGTCTGTTTGCAAATGATACAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5021_Genome_Tile|1
ACAGACATTGCAGAAAATGGTCTGTTTGCAAATGATACAGATAGTCTTTTAACCCAGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5041_Genome_Tile|1
TCTGTTTGCAAATGATACAGATAGTCTTTTAACCCAGCAAGCACTATTGTACCTGCTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5061_Genome_Tile|1
ATAGTCTTTTAACCCAGCAAGCACTATTGTACCTGCTATTAATTGGTTCCCTTTATTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5081_Genome_Tile|1
AGCACTATTGTACCTGCTATTAATTGGTTCCCTTTATTTGATAGTTACTCAGACTTTGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5101_Genome_Tile|1
TAATTGGTTCCCTTTATTTGATAGTTACTCAGACTTTGCTTTAGATCCCTTTTTTTATTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5121_Genome_Tile|1
ATAGTTACTCAGACTTTGCTTTAGATCCCTTTTTTTATTCACGTAAGAAACGACGCTTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5141_Genome_Tile|1
TTAGATCCCTTTTTTTATTCACGTAAGAAACGACGCTTAGATATCCTTTAATGTTTTTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5161_Genome_Tile|1
ACGTAAGAAACGACGCTTAGATATCCTTTAATGTTTTTTCAGATGGCTCTGTGGTCTGCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5261_Genome_Tile|1
TCGTGTGTTGCGCACTGATGAATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTTATACAAGCAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5281_Genome_Tile|1
AATACGTGCAAGAAACGGATGTATATTTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5301_Genome_Tile|1
GTATATTTTTTATACAAGCACTGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5321_Genome_Tile|1
TGAAAGACTTTTAATAGTTGGTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5341_Genome_Tile|1
GTAATCCTTATTTTGATGTTGAAAACAGAGACACTATAACAGTACCTAAAGTTTCTGCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5461_Genome_Tile|1
AAAATTTATATAATTCAGATAAGGAACGTTTAGTTTGGAACCTGTTGGTTTGGAAAGTAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5481_Genome_Tile|1
AAGGAACGTTTAGTTTGGAACCTGTTGGTTTGGAAAGTAGGCAGAGGGGGTCTCTTGGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5501_Genome_Tile|1
ACTTGTGTTGTTGGAAGTAGGCAGAGGGGGTCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5521_Genome_Tile|1
GCAGAGGGGGTCTCTTGGCGTAGGATCTACAGGTCATCCTTTACTAAATAAGATAGGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5641_Genome_Tile|1
CCATGGATCCTAAGCAGAGTCAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5661_Genome_Tile|1
CAGATACTAATAGTTGGTTGTGCTCCAGCCACTGGAGAATACTGGGATTTAGCTAAACCA

>HPV48_Gamma_9628542_nt5681_Genome_Tile|1
TGCTCCAGCCACTGGAGAATACTGGGATTTAGCTAAACCATGCAATGATTGGAACGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5701_Genome_Tile|1
ACTGGGATTTAGCTAAACCATGCAATGATTGGAACGGGGCTGCACCACCAATTCAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5721_Genome_Tile|1
TGCAATGATTTGGAACGGGGCTGCACCACCAATTCAACTAGTTAATACTGTTATTCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5801_Genome_Tile|1
AGGCTTTGGGGCTGCTAATTTTCTTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5821_Genome_Tile|1
TTCTTAAGTTGATGCAGGATCGTGCTGGCGTCCCTCTAGAGTTAATAGATTCTATTAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5881_Genome_Tile|1
TATGGCCAGATTTTTTAAAGATGACCAAAGATATTTATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5901_Genome_Tile|1
ATGACCAAAGATATTTATGGAGACTCTGTCTTCTTTTTTGGTAAACGGGAACAATGTTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5921_Genome_Tile|1
AGACTCTGTCTTCTTTTTTGGTAAACGGGAACAATGTTATGCTCGTCATCTTTTTGCAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5961_Genome_Tile|1
GCTCGTCATCTTTTTGCAAGAGCTGGCCAAATGGGGGAGCCTATACCAACAGAAAATGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6001_Genome_Tile|1
CTATACCAACAGAAAATGGAGTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6021_Genome_Tile|1
GTATATTATATAACTCCTGATTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6041_Genome_Tile|1
TTCTGCCGATCAAAACAACAGATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAACACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6061_Genome_Tile|1
GATCTTCTCATTTAGGATCTTCTGTGTATTTTACAACACCAAGTGGATCCTTGAATACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6181_Genome_Tile|1
GCATTTGTTGGGGAAATGAGCTGTTTATTACAGTTTTTGGATAATACTCATAATGTGAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6201_Genome_Tile|1
CTGTTTATTACAGTTTTTGGATAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6221_Genome_Tile|1
TAATACTCATAATGTGAATTTTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAAGTGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6241_Genome_Tile|1
TTACTATTAGTGTTAAGAATGATAAACTGCATTAAGTGAAGTAACTACATAGATAATGGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6261_Genome_Tile|1
GATAAACTGCATTAAGTGAAGTAACTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6281_Genome_Tile|1
AAACTACATAGATAATGGTTACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6301_Genome_Tile|1
ACAAATATAATAATGCAGATTTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6321_Genome_Tile|1
TTTAAACAATATCTTCGACATACAGAAGAATATGAAATAGAGTTGGTTTTTCAGTTATGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6361_Genome_Tile|1
AGTTGGTTTTTCAGTTATGCAAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6461_Genome_Tile|1
TGTTCCACCAGCTCCAACGGGCATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6481_Genome_Tile|1
GCATTGAAGATACTTACAGGTATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6501_Genome_Tile|1
TATATCAAATCCATGGCTACTAAATGCCCTACTGCTGAAGCAGAGAAGACACAGATCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6521_Genome_Tile|1
TAAATGCCCTACTGCTGAAGCAGAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6541_Genome_Tile|1
CAGAAGAAGACACAGATCCATACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6561_Genome_Tile|1

TACAAAGCTTACAGTTTCTGGACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6581_Genome_Tile|1
GACTTTAGATATGACAGAGCGCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCCTGGGTCGAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6601_Genome_Tile|1
GCTTCTCGTCTGATTTAAGTCAGTTTTCCCTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAACCTGGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6621_Genome_Tile|1
CAGTTTTCCCTGGGTCGAAAATTTTTATATCAAACCTGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6641_Genome_Tile|1
ATTTTTATATCAAACCTGGTTTGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6661_Genome_Tile|1
TGTTAAATGGTAAACGAGCTAGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6681_Genome_Tile|1
AGAACAGACTATACAGCTGCAGGATCTAGTACCAGATCTACAAAGCGTAGGAGAGTAAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6701_Genome_Tile|1
AGGATCTAGTACCAGATCTACAAAGCGTAGGAGAGTAAGATAGTAAAGATGTAGAATGTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6721_Genome_Tile|1
CAAAGCGTAGGAGAGTAAGATAGTAAAGATGTAGAATGTTTACATTATTAATACTGTGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6801_Genome_Tile|1
AAACACTGTGAATATTTTACCGTGGTGTCATTTATACGCCTCCATTGGGTGGGTTCTGAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6861_Genome_Tile|1
CTATAAACTCCTGGGTCAGTCATTTGGTCAGCAGACGCTGAGGAGCAGCAGACGATTCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt7001_Genome_Tile|1
TAAATGTACTGCCAACTTTTACAAGTTCAGACAGAGATCAACAAGATATCTTAAAACAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt7021_Genome_Tile|1
TACAAGTTCAGACAGAGATCAACAAGATATCTTAAAACAGTACCTAAAGCGGTACTGTAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0101_Genome_Tile|1
AGCAACTACTTTTCATTACCTAACAAGTATTTTCATGCACCGTTTCCGTATCACTGTGAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0121_Genome_Tile|1
AACAAGTATTTTCATGCACCGTTTCCGTATCACTGTGAATGTATTTATTGATTAGACATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0141_Genome_Tile|1
GTTTCCGTATCACTGTGAATGTATTTATTGATTAGACATATAAAAAGGAAGACATCTTGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0161_Genome_Tile|1
GTATTTATTGATTAGACATATAAAAAGGAAGACATCTTGATGGCTCAACCAGGTAAACCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0181_Genome_Tile|1
TAAAAGGAAGACATCTTGATGGCTCAACCAGGTAAACCTCAGTCAGTGTTAGAACTTAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0221_Genome_Tile|1
CAGTCAGTGTTAGAACTTAGTAGATTATTAATATACCATTAGACGATTGTGTTGTACCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0241_Genome_Tile|1
TAGATTATTAAATATACCATTAGACGATTGTGTTGTACCATGTAACCTTTTGCAAAGATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0261_Genome_Tile|1
TAGACGATTGTGTTGTACCATGTAACCTTTTGCAAAGATTCTAAGTTATACAGAGTTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0281_Genome_Tile|1
TGTAACCTTTTGCAAAGATTTCTAAGTTATACAGAGTTAACTGACTTTGACACCAAATGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0421_Genome_Tile|1
AAATTATTTGTAGAGAGTGTGATAGGTGGGAAATAGAACAAAAAGAAAATACACCTCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0441_Genome_Tile|1
TGATAGGTGGGAAATAGAACAAAAAGAAAATACACCTCTTTCGGACATTATTGTAAGGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0461_Genome_Tile|1
CAAAAAGAAAATACACCTCTTTCGGACATTATTGTAAGGTGTCACCATTGCTTAAAATTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0481_Genome_Tile|1
TTCGGACATTATTGTAAGGTGTCACCATTGCTTAAATTAATCAAATTGAAAAGCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0641_Genome_Tile|1
CTCTACAAGACATTGTCTTAGAGTTGACTGAGCCACAGACTGTTGATTTGCACTGTGAAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0661_Genome_Tile|1
GAGTTGACTGAGCCACAGACTGTTGATTTGCACTGTGAAGAGGAGTTGCCAGAGCAGGAT

>HPV24_Unclassified_9628486_nt0821_Genome_Tile|1
GAATACGTGGCCTGCAAGACTTACTGCTAGAAGAGGTGGTCATTTTGTGTCCCGACTGCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0981_Genome_Tile|1
ATTTGGACACATTGCTTGAGCAAAATTCAGATTCTGATGTATCAGATCTTATAAGTAATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1061_Genome_Tile|1
AACTCCCCGAGAAGTGTTC AACAGCAGGAGTTAGAGGAGAGCAATGCTTTGTTGCAAAGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1241_Genome_Tile|1
GTAGAATTGACCCCTTACAAATGAACTGAAGATGTTACTACATTGGTGCAGCAGGAGGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1261_Genome_Tile|1
TGAAACTGAAGATGTTACTACATTGGTGCAGCAGGAGGAAGAGGTACCAGCTTTAGAGAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1281_Genome_Tile|1
CATTGGTGCAGCAGGAGGAAGAGGTACCAGCTTTAGAGACATCTTCCACCAGTAACTTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1341_Genome_Tile|1
GGAAGGAAGATAATGCACATTATAAAGAACTTATGCGATGCAGTAACTTAAAAGCTACCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1361_Genome_Tile|1
TATAAAGAACTTATGCGATGCAGTAACTTAAAAGCTACCTTACTATCAAAAATTTAAAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1381_Genome_Tile|1
CAGTAACTTAAAAGCTACCTTACTATCAAAAATTTAAAAATGCTTTTGGTGTAAGCTTTGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1401_Genome_Tile|1
TACTATCAAAAATTTAAAAATGCTTTTGGTGTAAGCTTTGTTGAACTGACTCGCCAGTTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1421_Genome_Tile|1
GCTTTTGGTGTAAGCTTTGTTGAACTGACTCGCCAGTTCAGAAGTAATAAGACTTGTGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1481_Genome_Tile|1
AATGATTGGGTGGTAGCAATATATGGTGTAATTTATGATTTATTTGAAAAGTTCTAAGCAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1581_Genome_Tile|1
TGTCTGCAATGTTTTTATATCTGTTGTGTTTCAAGGCTGGCAAAAATAGACAAACTGTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1601_Genome_Tile|1
CTGTTGTGTTTCAAGGCTGGCAAAAATAGACAAACTGTTATAAGGTTATTAGTGTCTATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1641_Genome_Tile|1
TAAGGTTATTAGTGTCTATGTTATATGTGGCAGAGGAGCAAATTTTATCAGAACCTCCAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1741_Genome_Tile|1
TAGCTCAAAATGCTGCTACCTTTACACATGGGTCTTATCCTAAATGGATTATAGAACAAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2141_Genome_Tile|1
TTAAGTGCTTTAAAAGATTTTTTACATGGTAAACCTAAAAGAAATTGTTTATTAATATAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2781_Genome_Tile|1
GCAGTGTTACTTTATTATGCTAGACAAAATGGGGTGCTGCGGCTGGGTACTTACCAGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2821_Genome_Tile|1
GGCTGGGTACTTACCAGTTCCACCACTAGCTACCTCAGAAGCCAAAGCTAAACAGGCTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2861_Genome_Tile|1
AGCCAAAGCTAAACAGGCTATTAGTATGGTGTTGCAGCTGCAATCTTTACAACAATCTCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2881_Genome_Tile|1
TTAGTATGGTGTTGCAGCTGCAATCTTTACAACAATCTCCTTATGGCACAGAAAAGTGGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2901_Genome_Tile|1
CAATCTTTACAACAATCTCCTTATGGCACAGAAAAGTGGACACTGGTGGACACAAGCATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3141_Genome_Tile|1
TATTTAATAGGGGAGTTTAAACATTATTATGTGCTGTTTGCTGATGATGCCAATAGATAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3281_Genome_Tile|1
CCCAGGAGGGTCCCGAGAACTACCCGGATCCACCGCTAACTCCAAGGCCTCAAGCCCAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3301_Genome_Tile|1
TACCCGGATCCACCGCTAACTCCAAGGCCTCAAGCCCAACCCAACAGCCACAACAAGCCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3361_Genome_Tile|1
GTAGTGACGAAACAACCAAGCGGAAGAGGTACGGGCGAAGGGAGTCAAGCCCCACTGACT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3381_Genome_Tile|1
CGGAAGAGGTACGGGCGAAGGGAGTCAAGCCCCACTGACTCCAGATGCAGACGACGATCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3461_Genome_Tile|1

AGGGCGACGAGCACGGTCCCGCACCCGGTCGCGCTGCAGCTCCACTCAAACTCGATCTAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3501_Genome_Tile|1
TCCACTCAAACTCGATCTAGATCCACCTCAAGGAGGTCCAGATCAACCTCCAGGGGCAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3541_Genome_Tile|1
GATCAACCTCCAGGGGCAACAGGAGGTGTAGGGGAGACACCCCAGAGGGCAACGAGGAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4001_Genome_Tile|1
GTTTCTCGACCTAGTAAGATTTCTAAGGGTGTAGATTGGTCACTGGGAAGTTTTGATAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4021_Genome_Tile|1
TTCCTAAGGGTGTAGATTGGTCACTGGGAAGTTTTGATAAACTGTAAGTACTAACATAGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4041_Genome_Tile|1
TCACTGGGAAGTTTTGATAAACTGTAAGTACTAACATAGCTTTTGCTACTAACACACATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4081_Genome_Tile|1
TTTTTGCTACTAACACACATATAACCTATTTTACTTTTTGTATGCTTTGCAATGGTGCGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4341_Genome_Tile|1
GCCATTGGGTGAAGGTACTGGAGTTCGTGTGGGCAGTACACCCACAGTCGTCGGCCTGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4361_Genome_Tile|1
GAGTTCGTGTGGGCAGTACACCCACAGTCGTCGGCCTGCCCTTGTGCCTGAAGTAATAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4421_Genome_Tile|1
GTCCTGCTGACTTATTACCTGTTGATACAATAGCCCCTGTTGACCCAGCATCGTCATCTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4441_Genome_Tile|1
GTTGATACAATAGCCCCTGTTGACCCAGCATCGTCATCTATAGTTCCTCTTACTGAATCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4461_Genome_Tile|1
TGACCCAGCATCGTCATCTATAGTTCCCTCTTACTGAATCATCAGGTGTAGACCTTTTACC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4541_Genome_Tile|1
CAGAAGTACATCCTATACCTGATGTGCCACATTTGATACTCCAGTAGTGACAACAAGCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4561_Genome_Tile|1
GATGTGCCACATTTGATACTCCAGTAGTGACAACAAGCAAAGGCTCTAGTGCCATTTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4701_Genome_Tile|1
TACAGAATCTACACCAAGTCAAGGTGAGAGTTCATTGTCAGACGAAATAATTGTCGCCTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4721_Genome_Tile|1
AAGGTGAGAGTTCATTGTCAGACGAAATAATTGTCGCCTCTGGTGCAGGTGGACAATCAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4741_Genome_Tile|1
GACGAAATAATTGTCGCCTCTGGTGCAGGTGGACAATCAGTAGGCGTTTCTGAAAATATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4781_Genome_Tile|1
TAGGCGTTTCTGAAAATATAGAACTGCAGGATTTATCAAATAGATATTCTTTTGAAATAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4861_Genome_Tile|1
CGTAGCAGTACCCCATTAACAAGAGCTACACAAGCATTTAGACAAAGATCACTTACAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4881_Genome_Tile|1
AAGAGCTACACAAGCATTTAGACAAAGATCACTTACAAATAGGAGACTGTTACAACAAGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4901_Genome_Tile|1
GACAAAGATCACTTACAAATAGGAGACTGTTACAACAAGTGCCTGTTGAAGACCCTTTGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5041_Genome_Tile|1
CAAGACCTTGACAGTTTTGTAGAGCCTCCTAACAGAGATTTTTTAGATATTGCAGAACTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5101_Genome_Tile|1
GGAAGGCCTAGATTTTCTGAAACACGCGAGGGTTATGTTAGGTTAAGCAGATTGGGTCGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5121_Genome_Tile|1
AACACGCGAGGGTTATGTTAGGTTAAGCAGATTGGGTCGTAGAGCAACTATTAGAACAAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5141_Genome_Tile|1
GGTTAAGCAGATTGGGTCGTAGAGCAACTATTAGAACAAGGGCAGGAACACAAATAGGAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5161_Genome_Tile|1
AGAGCAACTATTAGAACAAGGGCAGGAACACAAATAGGAGCACAAGTACATTTTTATAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5321_Genome_Tile|1
TTATAGATACTAATATAGAGGAAAATCCTTTAGCTGAACAAATGGAGTTGGAAATTGATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5341_Genome_Tile|1
GAAAATCCTTTAGCTGAACAAATGGAGTTGGAAATTGATACTTATCCTGAAGCTCATTCA

>HPV24_Unclassified_9628486_nt5361_Genome_Tile|1
AATGGAGTTGGAAATTGATACTTATCCTGAAGCTCATTTCATTTGATGCTTTGTTAGATGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5401_Genome_Tile|1
TTTGTATGCTTTGTTAGATGAAGCAACAGACGATTTTAGTGGTTCACAGTTAGTTATAGGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5461_Genome_Tile|1
AATAGAAGATCCACTACATCATATACTGTTCCCTAGATTTGAATCCCCAAGAAATCTTCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5521_Genome_Tile|1
TATTATGTACAGGATTTGCAGGGATATTATGTAGCCTATCCTGAATCTCGCGATAAAATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5541_Genome_Tile|1
GGGATATTATGTAGCCTATCCTGAATCTCGCGATAAAATAGAACTTATTTATCCCTCACC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5561_Genome_Tile|1
CTGAATCTCGCGATAAAATAGAACTTATTTATCCCTCACCCACATTACCTGCAGTTGTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5581_Genome_Tile|1
GAACTTATTTATCCCTCACCCACATTACCTGCAGTTGTCATACATACAGAAGATAGTAGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6101_Genome_Tile|1
CAGAAAACCTGTATCATATAGGACACAAGCATCGTCCACAGATGATAGACAAAATACCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6201_Genome_Tile|1
TGCACCCTGCATAGGAGAACATTGGGAAGTAGCTGAGAGGTGTGCTGGTGATAATAATGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6321_Genome_Tile|1
AGATATTGGTTATGGGAATTTAAATTTTAGAACACTACAACAAAGTAGATCAGACGTAAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6341_Genome_Tile|1
TAAATTTTAGAACACTACAACAAAGTAGATCAGACGTAAGTTTGGATATTGTAAATGAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6721_Genome_Tile|1
ATTTGTTGGGCTAATCAATTGTTTCATTACGGTAGTAGATAACACCAGGAACACCAATTTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6741_Genome_Tile|1
GTTTCATTACGGTAGTAGATAACACCAGGAACACCAATTTTAGTATAAGTGTATACACTGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6801_Genome_Tile|1
AAATGGCAAAGTAACAGATATTAACGAGTATGATGCTAATAAATTTAGGGAATATCAGAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6881_Genome_Tile|1
TTTCACTTATACTGCAGCTATGTAAAATCCCTTTAAAAGCAGATGTGTTAGCACAGATCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7161_Genome_Tile|1
ACGAAAGTTCCTGTTTCAAGCGGTCTTGTACAAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7181_Genome_Tile|1
CGGGTCTTGTACAAAAAACATCTAAAAAACATCTAATGTATCCAAGGGGACCAAACGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7241_Genome_Tile|1
AACGCACGTAAAATAAAGGCTGTTTACCGTTTTCGGTACAATATATGTGTATTCCAAGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7261_Genome_Tile|1
TGTTTACCGTTTTCGGTACAATATATGTGTATTCCAAGAATGCTTGTATTTCATGTGCGT
>HPV1_Mu_9626063_nt0001_Genome_Tile|1
GTTAACCTACCATCATTTCATTATTCTAGTTACAACAAGAACCTAGGAGTTATATGCCAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt0021_Genome_Tile|1
ATTCTAGTTACAACAAGAACCTAGGAGTTATATGCCAGAAGTAAGCCTATAAAATACACA
>HPV1_Mu_9626063_nt0041_Genome_Tile|1
CTAGGAGTTATATGCCAGAAGTAAGCCTATAAAATACACAGGTAAGACTCTGCACAGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt0081_Genome_Tile|1
GGTAAGACTCTGCACAGGACCAGATGGCGACACCAATCCGGACCGTCAGACAGCTTTCCG
>HPV1_Mu_9626063_nt0101_Genome_Tile|1
CAGATGGCGACACCAATCCGGACCGTCAGACAGCTTTCCGAAAGCCTCTGTATCCCATAT
>HPV1_Mu_9626063_nt0121_Genome_Tile|1
GACCGTCAGACAGCTTTCCGAAAGCCTCTGTATCCCATATATTGATGTTTTATTGCCTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt0201_Genome_Tile|1
TGTCTAATGCTGAGAAGCTGCTTTTTTGATCATTTTGATTTGCATCTTGTCTGGAGAGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt0241_Genome_Tile|1
GCATCTTGTCTGGAGAGACAATTTGGTGTGTTGGATGCTGTCAAGGGTGTGCTAGAACTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt0261_Genome_Tile|1

ATTTGGTGTGTTGGATGCTGTCAAGGGTGTGCTAGAACTGTTAGCCTATTGGAGTTTGTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt0281_Genome_Tile|1
CAAGGGTGTGCTAGAACTGTTAGCCTATTGGAGTTTGTTTTATATTATCAGGAGTCTTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt0301_Genome_Tile|1
TAGCCTATTGGAGTTTGTTTTATATTATCAGGAGTCTTATGAGGTACCGGAAATAGAAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt0321_Genome_Tile|1
TATATTATCAGGAGTCTTATGAGGTACCGGAAATAGAAGAAATTTTGGACAGACCTTTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt0341_Genome_Tile|1
GAGGTACCGGAAATAGAAGAAATTTTGGACAGACCTTTATTGCAAATTGAACTCCGTTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt0381_Genome_Tile|1
TGCAAATTGAACTCCGTTGTGTTACATGCATAAAAAAACTGAGTGTGCTGAAAAATTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt0401_Genome_Tile|1
GTTACATGCATAAAAAAACTGAGTGTGCTGAAAAATTGGAGGTGTGTCAAACGGAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt0461_Genome_Tile|1
AGAGTGCATAGAGTTAGAAACAGACTTAAAGCAAAGTGTAGTTTGTGTCGCTTGTATGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt0481_Genome_Tile|1
CAGACTTAAAGCAAAGTGTAGTTTGTGTCGCTTGTATGCTATATAACAATGGTGGGCGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt0501_Genome_Tile|1
GTTTGTGTCGCTTGTATGCTATATAACAATGGTGGGCGAAATGCCAGCACTAAAGGACCT
>HPV1_Mu_9626063_nt0521_Genome_Tile|1
ATATAACAATGGTGGGCGAAATGCCAGCACTAAAGGACCTGGTTCTTCAACTTGAACCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt0541_Genome_Tile|1
ATGCCAGCACTAAAGGACCTGGTTCTTCAACTTGAACCAAGCGTCCTAGATTTAGATCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt0601_Genome_Tile|1
TATTGTTACGAGGAGGTGCCTCCTGATGACATAGAGGAGGAGTTAGTGTGCGCCTCAGCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt0621_Genome_Tile|1
TCCTGATGACATAGAGGAGGAGTTAGTGTGCGCCTCAGCAACCTTATGCTGTGCTTGCTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt0701_Genome_Tile|1
TGGTTCGATTGACCGTCCTCGCGGATCACAGCGCCATTAGACAGCTGGAGGAACTCCTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt0721_Genome_Tile|1
GCGGATCACAGCGCCATTAGACAGCTGGAGGAACTCCTTCTGCGATCTTGAACATCGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt0741_Genome_Tile|1
ACAGCTGGAGGAACTCCTTCTGCGATCTTGAACATCGTGTGCCCCTGTGCACCCTACA
>HPV1_Mu_9626063_nt0801_Genome_Tile|1
GCGACAGTAAAATGGCAGATAATAAAGGTACTGAAAACGATTGGTTTTTGGTGGAGGCGA
>HPV1_Mu_9626063_nt0841_Genome_Tile|1
TTGGTTTTTGGTGGAGGCGACAGATTGTGAGGAAACGTTAGAGGAAACCTCACTTGGTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt0881_Genome_Tile|1
GAGGAAACCTCACTTGGTGACCTAGATAATGTTTCTTGTGTTAGCGACTTATCTGATTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt1021_Genome_Tile|1
TAATGCTTTAAACGAAAGTTACTTTACAGTCCTCAGGCGAGAAGCGCGGACGAAACAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt1041_Genome_Tile|1
TACTTTACAGTCCTCAGGCGAGAAGCGCGGACGAAACAGACATTGCTAGCATTAGTCCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt1081_Genome_Tile|1
CATTGCTAGCATTAGTCCTAGATTAGAACTATTTCTATTACAAAGCAAGACAAAAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt1101_Genome_Tile|1
GATTAGAACTATTTCTATTACAAAGCAAGACAAAAAAGGTATCGAAGGCAACTGTTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt1121_Genome_Tile|1
ACAAAGCAAGACAAAAAAGGTATCGAAGGCAACTGTTTTCTCAGGATGATAGTGGTTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt1141_Genome_Tile|1
GTATCGAAGGCAACTGTTTTCTCAGGATGATAGTGGTTTAGAGCTATCGCTGCTTCAGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt1161_Genome_Tile|1
CTCAGGATGATAGTGGTTTAGAGCTATCGCTGCTTCAGGATGAAACTGAAAATATTGATG
>HPV1_Mu_9626063_nt1181_Genome_Tile|1
GAGCTATCGCTGCTTCAGGATGAAACTGAAAATATTGATGAATCGACACAGGTAGATCAA

>HPV1_Mu_9626063_nt1201_Genome_Tile|1
TGAAACTGAAAATATTGATGAATCGACACAGGTAGATCAACAGCAGAAAGAACATACTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt1221_Genome_Tile|1
AATCGACACAGGTAGATCAACAGCAGAAAGAACATACTGGGGAAGTTGGGGCCGCTGGGG
>HPV1_Mu_9626063_nt1241_Genome_Tile|1
CAGCAGAAAGAACATACTGGGGAAGTTGGGGCCGCTGGGGTGAACATTTTGAAAGCTAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt1261_Genome_Tile|1
GGAAGTTGGGGCCGCTGGGGTGAACATTTTGAAAGCTAGTAATATCCGCGCCGCATTATT
>HPV1_Mu_9626063_nt1281_Genome_Tile|1
TGAACATTTTGAAAGCTAGTAATATCCGCGCCGCATTATTAAGCAGATTTAAAGATACGG
>HPV1_Mu_9626063_nt1301_Genome_Tile|1
AATATCCGCGCCGCATTATTAAGCAGATTTAAAGATACGGCTGGCGTCAGTTTTACAGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt1321_Genome_Tile|1
AAGCAGATTTAAAGATACGGCTGGCGTCAGTTTTACAGACCTGACGCGGTCGTACAAGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt1401_Genome_Tile|1
ATTGGGTTTTGGCAGTTTGGGGTGTCCGTGAAAATTTAATTGACAGTGTAAGAATTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt1421_Genome_Tile|1
GGTGTCCGTGAAAATTTAATTGACAGTGTAAGAATTATTGCAAACCCATTGTGTGTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt1441_Genome_Tile|1
TGACAGTGTAAGAATTATTGCAAACCCATTGTGTGTATATTCAATTGGAACATGCAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt1461_Genome_Tile|1
TGCAAACCCATTGTGTGTATATTCAATTGGAACATGCAGTAACTGAAAAAATAGATTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt1481_Genome_Tile|1
ATTCAATTGGAACATGCAGTAACTGAAAAAATAGATTTTTATTATTTTATTGGTACGATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt1501_Genome_Tile|1
AACTGAAAAAATAGATTTTTATTATTTTATTGGTACGATTTAAAGCCCAGAAAAGTAGAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt1521_Genome_Tile|1
TATTTTTATTGGTACGATTTAAAGCCCAGAAAAGTAGAGAGACTGTGATAAACTTATAA
>HPV1_Mu_9626063_nt1541_Genome_Tile|1
AAAGCCCAGAAAAGTAGAGAGACTGTGATAAACTTATAACCACAATTCTTCCAGTTGAT
>HPV1_Mu_9626063_nt1561_Genome_Tile|1
GACTGTGATAAACTTATAACCACAATTCTTCCAGTTGATGCTAGCTATATTTTGTCTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt1581_Genome_Tile|1
CCACAATTCTTCCAGTTGATGCTAGCTATATTTTGTCTGAGCCTCCAAAATCAAGAAGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt1661_Genome_Tile|1
TATAAAAGATCTATGTCTTCAACTGTTTTTACATGGGGTACAACCTTTGGAGTGGATTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt1681_Genome_Tile|1
AACTGTTTTTACATGGGGTACAACCTTTGGAGTGGATTGCACAGCAAACCCCTTATTAATCA
>HPV1_Mu_9626063_nt1701_Genome_Tile|1
CAACTTTGGAGTGGATTGCACAGCAAACCCCTTATTAATCATCAGTTAGATTCCGAAAGTC
>HPV1_Mu_9626063_nt1901_Genome_Tile|1
TATGTGAAAAGACTGTGCACAAATGGTAAGACACTATTTACGTGCTGAGATGGCACAAATG
>HPV1_Mu_9626063_nt1941_Genome_Tile|1
GTGCTGAGATGGCACAAATGTCTATGTCAGAGTGGATTTTGTAGAAAAGTAGATAATGTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt1981_Genome_Tile|1
TAGAAAAGTAGATAATGTAGAAGGTTCTGGTAATTGGAAAGAAATTGTAAGATTTTAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt2081_Genome_Tile|1
AAAGATTTGTTATGTGGTAAGCCAAAGAAAACTGTTTGTGTTAATATTTGGACCTCCAAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt2121_Genome_Tile|1
TAATATTTGGACCTCCAAATACAGGAAAAATCAATGTTTTGTACAAGTTTATTAAAGTTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt2141_Genome_Tile|1
ACAGGAAAAATCAATGTTTTGTACAAGTTTATTAAAGTTGTTAGGAGGGAAAGTGATTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt2161_Genome_Tile|1
TACAAGTTTATTAAAGTTGTTAGGAGGGAAAGTGATTTTCATACTGTAACAGTAAAAGTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt2321_Genome_Tile|1

GATGGTAACACTATTTGTATTGATTTAAACATAGAGCTCCTCAACAAATTAAATGCCCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt2381_Genome_Tile|1
CCTTTACTTATTACTAGTAATATTGATGTTAAATCAGATACCTGTTGGATGTATTTGCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt2401_Genome_Tile|1
TATTGATGTTAAATCAGATACCTGTTGGATGTATTTGCATAGTAGAATATCAGCTTTTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt2421_Genome_Tile|1
CCTGTTGGATGTATTTGCATAGTAGAATATCAGCTTTTAAATTTGCTCATGAGTTTCCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt2441_Genome_Tile|1
AGTAGAATATCAGCTTTTAAATTTGCTCATGAGTTTCCATTTAAAGACAATGGTGATCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt2461_Genome_Tile|1
ATTTGCTCATGAGTTTCCATTTAAAGACAATGGTGATCCAGGATTTTCCTTAACAGACGA
>HPV1_Mu_9626063_nt2641_Genome_Tile|1
ACCTATATGAACAGGACAGTAAATTGATAGAAGATCAAATTAAGCAGTGGAATCTAATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt2661_Genome_Tile|1
AAATTGATAGAAGATCAAATTAAGCAGTGGAATCTAATTAGACAAGAACAAGTTCTTTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt2721_Genome_Tile|1
CATTTCCGCCAGAAAAAATGGGGTAATGAGAATTGGATTGCAGGCAGTCCATCTTTAGCG
>HPV1_Mu_9626063_nt2741_Genome_Tile|1
GGTAATGAGAATTGGATTGCAGGCAGTCCATCTTTAGCGTCTCACAGGAGAAGGCAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt2761_Genome_Tile|1
AGGCAGTTCATCTTTAGCGTCTCACAGGAGAAGGCAAAGACAGCTATTGAAATGGTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt2781_Genome_Tile|1
TCCTCACAGGAGAAGGCAAAGACAGCTATTGAAATGGTGTTACATTTAGAGTCTTTAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt2821_Genome_Tile|1
TACATTTAGAGTCTTTAAAGGACTCACCTTATGGCACAGAGGATTGGTCACTTCAAGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt2921_Genome_Tile|1
CAAGAAGAGTGGCAGCACACTTGAGGTTACCTATGACAATAACCCTGATAATCAGACAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt2941_Genome_Tile|1
TTGAGGTTACCTATGACAATAACCCTGATAATCAGACAAGGCACACAATTTGGAATCATG
>HPV1_Mu_9626063_nt2961_Genome_Tile|1
AACCCTGATAATCAGACAAGGCACACAATTTGGAATCATGTGTATTATCAAAATGGGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt3001_Genome_Tile|1
TGTATTATCAAAATGGGGACGATGTATGGAGAAAAGTATCCAGTGGTGTGATGCTGTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt3021_Genome_Tile|1
GATGTATGGAGAAAAGTATCCAGTGGTGTGATGCTGTAGGAGTGTACTATTTAGAACAC
>HPV1_Mu_9626063_nt3041_Genome_Tile|1
CAGTGGTGTGATGCTGTAGGAGTGTACTATTTAGAACACGATGGCTATAAAAATTATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt3061_Genome_Tile|1
GAGTGTACTATTTAGAACACGATGGCTATAAAAATTATTATGTGTTATTTGCTGAGGAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt3101_Genome_Tile|1
TGTGTTATTTGCTGAGGAGGCCTCTAAGTACAGCACAAACAGGACAATATGCTGTAAATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt3121_Genome_Tile|1
CCTCTAAGTACAGCACAAACAGGACAATATGCTGTAAATTACAGGGGTAAAAGGTTTACAA
>HPV1_Mu_9626063_nt3141_Genome_Tile|1
GGACAATATGCTGTAAATTACAGGGGTAAAAGGTTTACAAATGTTATGTCTTCCACTAGC
>HPV1_Mu_9626063_nt3181_Genome_Tile|1
ATGTTATGTCTTCCACTAGCTCCCCAAGGGCTGCTGGGGCTCCTGCAGTACACTCCGACT
>HPV1_Mu_9626063_nt3201_Genome_Tile|1
TCCCCAAGGGCTGCTGGGGCTCCTGCAGTACACTCCGACTACCCAACCCATCCGAGAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt3241_Genome_Tile|1
ACCCAACCCATCCGAGAGTGACACCGCCAGCAATCGACGTCCATCGACTACACCGAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt3281_Genome_Tile|1
GTCCATCGACTACACCGAACTCCCAGGACAGGGGAGACCTCGCAGGTCCGACAAAGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt3301_Genome_Tile|1
TCCCAGGACAGGGGAGACCTCGCAGGTCCGACAAAGACAGCAGAAAAACACCTGTACGCA

>HPV1_Mu_9626063_nt3381_Genome_Tile|1
AGATCCAGAAGTCCCAGAGGTGGAGGACGAAGAGAAGGAGAATCAACGCCCTCTAGGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt3521_Genome_Tile|1
ACTTCTGCAGGAAGCTTGGGATCCACCCGTGGTCTGTGTAAAAGGGGGGTGCCAATCAGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt3581_Genome_Tile|1
TAAGTGTCTCAGGTACAGACTTAAAGCATCTACTCAAGTTGACTTTGACAGCATAAGCAC
>HPV1_Mu_9626063_nt3621_Genome_Tile|1
GACTTTGACAGCATAAGCACCATGGCATTGGACAGATAGAAAAAACACCGAGAGGATA
>HPV1_Mu_9626063_nt3641_Genome_Tile|1
CACATGGCATTGGACAGATAGAAAAAACACCGAGAGGATAGGTAGTGCTAGAATGTTAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt3661_Genome_Tile|1
GAAAAAACACCGAGAGGATAGGTAGTGCTAGAATGTTAGTAAAGTTTATTGATGAGGCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt3681_Genome_Tile|1
GGTAGTGCTAGAATGTTAGTAAAGTTTATTGATGAGGCTCAACGAGAGAAGTTTCTTGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt3701_Genome_Tile|1
AAAGTTTATTGATGAGGCTCAACGAGAGAAGTTTCTTGAGAGAGTTGCTTTGCCAGATC
>HPV1_Mu_9626063_nt3721_Genome_Tile|1
AACGAGAGAAGTTTCTTGAGAGAGTTGCTTTGCCAGATCAGTGTCTGTGTTTTTGGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt3741_Genome_Tile|1
AGAGTTGCTTTGCCAGATCAGTGTCTGTGTTTTTGGGACAGTTTAATGGGTCTTAAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt3781_Genome_Tile|1
AGTTTAATGGGTCTTAAATTAATGGAAGTTGATTTTGCTTGGACGTGTGTACATAGTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt3801_Genome_Tile|1
TAATGGAAGTTGATTTTGCTTGGACGTGTGTACATAGTCCCTGTATATATTCCCCTCCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt3821_Genome_Tile|1
TGGACGTGTGTACATAGTCCCTGTATATATTCCCCTCCTACCCCCACATACCTTGAAGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt3841_Genome_Tile|1
CTGTATATATTCCCCTCCTACCCCCACATACCTTGAAGCTTGCAACATTGTAACAAATGT
>HPV1_Mu_9626063_nt3861_Genome_Tile|1
CCCCACATACCTTGAAGCTTGCAACATTGTAACAAATGTATCGCCTACGTAGAAAACGC
>HPV1_Mu_9626063_nt3881_Genome_Tile|1
TGCAACATTGTAACAAATGTATCGCCTACGTAGAAAACGCGCTGCCCCCAAAGATATATA
>HPV1_Mu_9626063_nt3941_Genome_Tile|1
CCCCTCATGCAAAATATCAAACACCTGCCCACCTGACATTCAAATAAAATTGAGCATAC
>HPV1_Mu_9626063_nt4061_Genome_Tile|1
CATTGGAACAGCCAGAGGCTCTGGAGGAAGAATTGGTTATACTCCCCTCGGTGAGGGTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt4121_Genome_Tile|1
TGGGGTTAGAGTTGCTACTCGTCCAACCTCCAGTAAGGCCTACAATACCTGTGGAACAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4141_Genome_Tile|1
GTCCAACCTCAGTAAGGCCTACAATACCTGTGGAACAGTAGGCCCCAGTGAAATTTTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt4161_Genome_Tile|1
ACAATACCTGTGGAACAGTAGGCCCCAGTGAAATTTTCCCATAGATGTTGTAGATCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt4201_Genome_Tile|1
CCATAGATGTTGTAGATCCTACAGGCCCTGCTGTTATTCCCCTACAAGATTTAGGTAGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt4221_Genome_Tile|1
ACAGGCCCTGCTGTTATTCCCCTACAAGATTTAGGTAGAGACTTCCCAATACCAACTGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt4241_Genome_Tile|1
CCTACAAGATTTAGGTAGAGACTTCCCAATACCAACTGTGCAGGTTATTGCAGAAATTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt4261_Genome_Tile|1
ACTTCCCAATACCAACTGTGCAGGTTATTGCAGAAATTCACCCTATTTCTGACATACCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt4281_Genome_Tile|1
CAGGTTATTGCAGAAATTCACCCTATTTCTGACATACCAAACATTGTTGCATCTTCAACA
>HPV1_Mu_9626063_nt4301_Genome_Tile|1
CCCTATTTCTGACATACCAAACATTGTTGCATCTTCAACAAATGAAGGAGAATCTGCCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt4321_Genome_Tile|1

ACATTGTTGCATCTTCAACAAATGAAGGAGAATCTGCCATATTAGATGTGTTACGAGGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt4341_Genome_Tile|1
AATGAAGGAGAATCTGCCATATTAGATGTGTTACGAGGGAATGCAACCATACGCACTGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt4361_Genome_Tile|1
ATTAGATGTGTTACGAGGGAATGCAACCATACGCACTGTTTCAAGAACACAATACAATAA
>HPV1_Mu_9626063_nt4381_Genome_Tile|1
ATGCAACCATACGCACTGTTTCAAGAACACAATACAATAACCCCTCTTTCACTGTTGCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt4401_Genome_Tile|1
TCAAGAACACAATACAATAACCCCTCTTTCACTGTTGCATCTACATCTAATATAAGTGCT
>HPV1_Mu_9626063_nt4421_Genome_Tile|1
CCCCTCTTTCACTGTTGCATCTACATCTAATATAAGTGCTGGAGAAGCATCAACATCAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt4441_Genome_Tile|1
CTACATCTAATATAAGTGCTGGAGAAGCATCAACATCAGATATTGTATTTGTTAGCAATG
>HPV1_Mu_9626063_nt4481_Genome_Tile|1
TATTGTATTTGTTAGCAATGGTTCAGGTGACAGGGTGGTGGGCGAGGATATCCCCTTGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4501_Genome_Tile|1
GTTTCAGGTGACAGGGTGGTGGGCGAGGATATCCCCTTGGTAGAATTAACTTAGGCCTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt4521_Genome_Tile|1
GGCGAGGATATCCCCTTGGTAGAATTAACTTAGGCCTGAAACAGACACATCTTCTGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt4541_Genome_Tile|1
AGAATTAACTTAGGCCTGAAACAGACACATCTTCTGTTGTACAAGAAACAGCATTTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt4561_Genome_Tile|1
AAACAGACACATCTTCTGTTGTACAAGAAACAGCATTTTCCAGCAGCACACCAATTGCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt4581_Genome_Tile|1
GTACAAGAAACAGCATTTTCCAGCAGCACACCAATTGCTGAAAGACCCTCTTTTAGGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt4641_Genome_Tile|1
TCAAGATTCTATAATAGGCGTCTATATGAACAGGTGCAAGTACAAGACCCTAGGTTTCGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt4661_Genome_Tile|1
TCTATATGAACAGGTGCAAGTACAAGACCCTAGGTTTCGTTGAGCAGCCACAGTCAATGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4741_Genome_Tile|1
TTGAGCCAGAGCTTGATGAGGTGTCTATTATCTTCCAAAGAGACTTAGATGCTCTTGCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt4761_Genome_Tile|1
GTGTCTATTATCTTCCAAAGAGACTTAGATGCTCTTGCTCAGACACCAGTGCCTGAATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt4781_Genome_Tile|1
AGACTTAGATGCTCTTGCTCAGACACCAGTGCCTGAATTTAGAGATGTAGTTTATCTGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt4821_Genome_Tile|1
AGAGATGTAGTTTATCTGAGCAAGCCACATTTTCGCGGGAACCAGGGGGACGGTTAAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt4861_Genome_Tile|1
AACCAGGGGGACGGTTAAGGGTTAGCCGCCCTGGCAAAAGTTCAACTATTCGTACACGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt4881_Genome_Tile|1
GTTAGCCGCCCTGGCAAAAGTTCAACTATTCGTACACGCCTGGGCACAGCAATTGGCGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt4921_Genome_Tile|1
TGGGCACAGCAATTGGCGCCAGAACCCACTTTTTCTATGATTTAAGTTCTATTGCTCCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt4941_Genome_Tile|1
AGAACCCACTTTTTCTATGATTTAAGTTCTATTGCTCCAGAAGACTCAATTGAATTATTG
>HPV1_Mu_9626063_nt4961_Genome_Tile|1
TTTAAGTTCTATTGCTCCAGAAGACTCAATTGAATTATTGCCTTTAGGTGAGCATAGTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt4981_Genome_Tile|1
AAGACTCAATTGAATTATTGCCTTTAGGTGAGCATAGTCAAACAACAGTCATTAGTTCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5001_Genome_Tile|1
CCTTTAGGTGAGCATAGTCAAACAACAGTCATTAGTTCCAAGTTAGGTGACACAGCATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5021_Genome_Tile|1
AACAAACAGTCATTAGTTCCAAGTTAGGTGACACAGCATTTATACAAGGTGAGACAGCAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5041_Genome_Tile|1
ACTTAGGTGACACAGCATTTATACAAGGTGAGACAGCAGAGGATGACTTAGAAGTTATCT

>HPV1_Mu_9626063_nt5061_Genome_Tile|1
ATACAAGGTGAGACAGCAGAGGATGACTTAGAAGTTATCTCTTTAGAAACACCACAATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5081_Genome_Tile|1
GGATGACTTAGAAGTTATCTCTTTAGAAACACCACAATTATATTCAGAAGAAGAGCTTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5101_Genome_Tile|1
CTTTAGAAACACCACAATTATATTCAGAAGAAGAGCTTTTAGACACAAACGAAAGTGTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5121_Genome_Tile|1
TATTCAGAAGAAGAGCTTTTAGACACAAACGAAAGTGTGGGCGAAAATTTGCAACTTACT
>HPV1_Mu_9626063_nt5141_Genome_Tile|1
AGACACAAACGAAAGTGTGGGCGAAAATTTGCAACTTACTATTACTAACTCAGAGGGTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5161_Genome_Tile|1
GCGAAAATTTGCAACTTACTATTACTAACTCAGAGGGTGAGGTTTCTATACTAGATTTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5181_Genome_Tile|1
ATTACTAACTCAGAGGGTGAGGTTTCTATACTAGATTTAACACAAAGCAGAGTCAGGCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5201_Genome_Tile|1
GGTTTCTATACTAGATTTAACACAAAGCAGAGTCAGGCCACCTTTTGGCACTGAAGATAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5261_Genome_Tile|1
TAGCTTGCATGTATATTACCCAAATCTTCTAAAGGGACTCCAATAATTAATCCTGAAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5301_Genome_Tile|1
CCAATAATTAATCCTGAAGAATCATTTACACCTTTTGGTTATTATAGCTCTTAACAACCTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5321_Genome_Tile|1
ATCATTTACACCTTTGGTTATTATAGCTCTTAACAACCTCAACAGGGGATTTTGAGTTACA
>HPV1_Mu_9626063_nt5361_Genome_Tile|1
ACAGGGGATTTTGAGTTACATCCTAGTCTTAGAAAGCGTCGTAAAAAGAGCTTATGTATAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5381_Genome_Tile|1
TCCTAGTCTTAGAAAGCGTCGTAAAAAGAGCTTATGTATAATGTTTTTCAGATGGCTGTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5401_Genome_Tile|1
GTAAAAGAGCTTATGTATAATGTTTTTCAGATGGCTGTCTGGTTACCAGCGCAGAATAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5441_Genome_Tile|1
GGTTACCAGCGCAGAATAAGTTCTATCTTCCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5461_Genome_Tile|1
TTCTATCTTCCTCCCCAGCCCATCACTAGAATCCTGTCCACTGATGAATATGTAACCAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5501_Genome_Tile|1
CTGATGAATATGTAACCAGAACCAATCTCTTCTACCATGCAACATCTGAACGTCTACTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt5541_Genome_Tile|1
AACATCTGAACGTCTACTGCTGGTCGGACATCCTTTGTTTGAGATCTCCAGTAATCAAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5581_Genome_Tile|1
GAGATCTCCAGTAATCAAACGTAACTATAACCAAAGTGTCACCAAATGCATTTAGAGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5601_Genome_Tile|1
TGTAACATATACCAAAGTGTCACCAAATGCATTTAGAGTTTTTAGGGTGCGTTTTGCTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5621_Genome_Tile|1
CACCAAATGCATTTAGAGTTTTTAGGGTGCGTTTTGCTGATCCAAATAGATTTGCATTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt5641_Genome_Tile|1
TTTAGGGTGCGTTTTGCTGATCCAAATAGATTTGCATTTGGGGATAAGGCAATTTTTAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5741_Genome_Tile|1
AGATAGGTAGAGGCCAGCCTTTAGGTATAGGAATAACGGGCCACCCTCTTTTAAATAAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5781_Genome_Tile|1
CCACCTCTTTTAAATAAGTTAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTATATTAATACTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt5801_Genome_Tile|1
TAGATGATGCAGAAAATCCAACAAATTATATTAATACTCATGCAAATGGAGATTCTAGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5921_Genome_Tile|1
CAGGTGAACACTGGACAAGTAGTCGTTGCCAGGGGAACAAGTGAAACTTGGGGACTGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt5961_Genome_Tile|1
AGTGAAACTTGGGGACTGCCCCAGGGTGCAAATGATAGAGTCTGTCATAGAAGATGGTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt6041_Genome_Tile|1

GGGCTATGGATTTTGGCTGCTTTACAGCAAGACAAGTCTGATGTCCCTTTAGATGTTGTTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6081_Genome_Tile|1
TGTCCCTTTAGATGTTGTTCAAGCAACATGCAAATATCCTGATTATATCAGAATGAACCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6101_Genome_Tile|1
AAGCAACATGCAAATATCCTGATTATATCAGAATGAACCATGAAGCCTATGGCAACTCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6141_Genome_Tile|1
TGAAGCCTATGGCAACTCTATGTTTTTTTTTGCACGTCGCGAGCAAATGTATACCAGGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6201_Genome_Tile|1
CTTTTTTACTCGCGGGGGTTCGGTGGGTGATAAGGAGGCAGTCCCACAAAGCCTGTATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6241_Genome_Tile|1
GTCCCACAAAGCCTGTATTTAACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACAACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6261_Genome_Tile|1
AACAGCAGATGCTGAACCAAGAACAACCTTTAGCAACAACAATTATGTAGGCACACCAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6401_Genome_Tile|1
TTTGCTGGAGAAACCAGTTATTTATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6421_Genome_Tile|1
TTTATTACAGTTGGAGATAATACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6441_Genome_Tile|1
TACCAGAGGAACAAGTTTATCTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTCCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6461_Genome_Tile|1
CTATCAGTATGAAAAACAATGCAAGTACTACATATTCGAATGCTAATTTTAATGATTTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6481_Genome_Tile|1
GCAAGTACTACATATTCGAATGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6501_Genome_Tile|1
TGCTAATTTTAATGATTTTCTAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6521_Genome_Tile|1
TAAGACATACTGAAGAATTTGATCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6541_Genome_Tile|1
GATCTTTCTTTTATAGTTCAGCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6561_Genome_Tile|1
GCTTTGTAAAGTAAAGTTAACTCCCGAAAATCTAGCCTACATTCATACAATGGACCCTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6641_Genome_Tile|1
TATCTGTATCTCAACCACCTACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6661_Genome_Tile|1
ACCAATCCTCTAGAAGATCAATATAGGTTTTTAGGGTCTTCCTTGGCAGCAAAATGTCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6701_Genome_Tile|1
CCTTGGCAGCAAAATGTCCAGAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6721_Genome_Tile|1
GAACAGGCGCCTCCTGAGCCCCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAAAATCTGGGAAGTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6741_Genome_Tile|1
CCAGACTGATCCTTATAGTCAATATAAAATCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6761_Genome_Tile|1
AATATAAAATCTGGGAAGTCGATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6781_Genome_Tile|1
GATCTCACAGAAAGGATGTCCGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6801_Genome_Tile|1
CGAACAATTAGACCAATTTCCACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6821_Genome_Tile|1
CACTAGGAAGGAAATTTCTATATCAAAGTGGCATGACACAACGTACTGCTACTAGTTCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6861_Genome_Tile|1
ACGTACTGCTACTAGTTCCACCACAAAGCGCAAAACAGTGC GTGTATCTACGTCAGCCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6881_Genome_Tile|1
CCACAAAGCGCAAAACAGTGC GTGTATCTACGTCAGCCAAGCGCAGGCGTAAGGCTTAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6901_Genome_Tile|1
CGTGTATCTACGTCAGCCAAGCGCAGGCGTAAGGCTTAGTATATATTATATATAACTATA

>HPV1_Mu_9626063_nt6921_Genome_Tile|1
GCGCAGGCGTAAGGCTTAGTATATATTATATATAACTATATTTATTAGTAGATTATTTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt6961_Genome_Tile|1
TTTATTAGTAGATTATTTATTATATATTTTATATTTTTTATACTTTTTTATACTTGTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6981_Genome_Tile|1
TATATATTTTTTATATTTTTTATACTTTTTTATACTTGTTTAGTTCTAAATAGACATGTAAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt7001_Genome_Tile|1
TACTTTTTTATACTTGTTTGTAGTTCTAAATAGACATGTAAGATTTACATTAGTATAAGTAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt7021_Genome_Tile|1
TTCTAAATAGACATGTAAGATTTACATTAGTATAAGTAGGCATGTATTTACATAAAATAG
>HPV1_Mu_9626063_nt7041_Genome_Tile|1
TTTACATTAGTATAAGTAGGCATGTATTTACATAAAATAGTCTTGGAACCTTTTATTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt7061_Genome_Tile|1
CATGTATTTACATAAAATAGTCTTGGAACCTTTTATTAGTGAACCATCATTTACAATAG
>HPV1_Mu_9626063_nt7081_Genome_Tile|1
TCTTGGAACCTTTTATTAGTGAACCATCATTTACAATAGTGACATCATAGTTCATCTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt7101_Genome_Tile|1
TGAACCATCATTTACAATAGTGACATCATAGTTCATCTGCAATTGCTATTCCATCGTTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt7121_Genome_Tile|1
TGACATCATAGTTCATCTGCAATTGCTATTCCATCGTTCTTCACATATTCTACAGTAGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt7141_Genome_Tile|1
AATTGCTATTCCATCGTTCTTCACATATTCTACAGTAGTGTTCTCTAGATTGTATTGCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt7161_Genome_Tile|1
TCACATATTCTACAGTAGTGTTCTCTAGATTGTATTGCTATTTTCCTGTTAGGCAAACAA
>HPV1_Mu_9626063_nt7201_Genome_Tile|1
TTTTCTGTTAGGCAAACAACAACATCTGTACATGGACCAAACAACCCACTTTCATTTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt7221_Genome_Tile|1
CAACATCTGTACATGGACCAAACAACCCACTTTCATTTTATTGTGCTGCATATATTCCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt7241_Genome_Tile|1
AACAACCCACTTTCATTTTATTGTGCTGCATATATTCCAGATTGTTGAGGATTTATTTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt7281_Genome_Tile|1
ATTGTTGAGGATTTATTTGTTTAGACTCCGGTGCATTATACACAAGTGTGCATTTTTTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt7321_Genome_Tile|1
CACAAGTGTGCATTTTTTGTGTTCTCTGATTGATTGTGTGTTATTTTCCTGCAATATGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt7341_Genome_Tile|1
GTTCTCTGATTGATTGTGTGTTATTTTCCTGCAATATGCAATAAAAGTGAGCTGTCCTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt7381_Genome_Tile|1
ATAAAAGTGAGCTGTCCTTTCTTTTTGTTAATCCCTCCCTACTCCAATAAAAAATCCCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt7401_Genome_Tile|1
CTTTTTGTTAATCCCTCCCTACTCCAATAAAAAATCCCTACCCCTAAAAATCTGTTTGTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt7481_Genome_Tile|1
CTCTTTTATATAATAAGTACTATTAACACCGCACCCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt7501_Genome_Tile|1
TATTAACACCGCACCCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAAGACTACACCTACAG
>HPV1_Mu_9626063_nt7521_Genome_Tile|1
TGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAAGACTACACCTACAGGATGTATTGTCTTCATTGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt7581_Genome_Tile|1
TATGGTTTACCGCGCTCCAAAGACGGTTTGCCCAAAGACGGTTTGCCAAACCGCGTTAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt7601_Genome_Tile|1
AGACGGTTTGCCCAAAGACGGTTTGCCAAACCGGTTAGGACTTGTTCATTTGCTGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt7621_Genome_Tile|1
GTTTGCCAAACCGCGGTTAGGACTTGTTCATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCGTGCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt7661_Genome_Tile|1
AAACTTATCTGGTCGTGCTCCAACGGTTTCCTGCCAAGCACCTAAAACGGTAGGTGTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt7681_Genome_Tile|1

CAACGGGTTTCCTGCCAAGCACCTAAAACGGTAGGTGTGTACTCTTTTCAAGAATTAACA
>HPV2_Alpha_9626032_nt3841_Genome_Tile|1
ATATGTCTGCATTTGTATAATCCTACATGCTTGATAAACATATGGTCCAATACATTTCA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4061_Genome_Tile|1
ATATGTGCAGGCCTTTTGGTTTTTACCATAGTCGTTATTATTTTCGCCATACGTTGCTGCT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4081_Genome_Tile|1
TTTTACCATAGTCGTTATTATTTTCGCCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTCTAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4101_Genome_Tile|1
TTTCGCCATACGTTGCTGCTAGCTTGTATACATAGTCTATATACCCATTGTGTGAGATTT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4321_Genome_Tile|1
TTTTTATATTGTTTTGATACATTTTCATTTTGATACATTTGTGTTTTTTTTGTATTTGCT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4621_Genome_Tile|1
AGGTTTCGCGACCCACCACTGTAGTTGACATTGGTCCAACGCCAGGCCGCTGTTATCAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4981_Genome_Tile|1
GGAAATACCAATGCAGACGTTTGCCACGTCGGGGGCAGCGGTACAGAGCCTATCAGTAG
>HPV2_Alpha_9626032_nt5461_Genome_Tile|1
TTATGCTGATTCGGATGTCCTTCAGCCATTGCTTGATGAGTTACCCGCCGCCCTCGCGG
>HPV2_Alpha_9626032_nt7201_Genome_Tile|1
CCGTGTCTCGCAAGCGCGCGCTGTTTCGGGGACCACGCCGCCACTAGTAAACGAAAAC
>HPV2_Alpha_9626032_nt7301_Genome_Tile|1
TTCTACTTTTACATATTATTTTGTGTCTGTAATATGTTTATGTTGTTGTTGTGCTTAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt0181_Genome_Tile|1
TTTTGCAACTGTGATTGGGACAAATGGCTCAGCAGACTACACCAGACCAACAGAAACCTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt0481_Genome_Tile|1
CAGTTTTAGGTAGAGATATAGAGCTAGCTACAGGAAAGTCAATATTTGAATTGAAAATCA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt0521_Genome_Tile|1
AATATTTGAATTGAAAATCAGGTGTCAGACTTGCTTATCATTTTTTGAGCACCATTGAAAA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3621_Genome_Tile|1
ACTAGGAGTCGGAGGTCAGAATCCAGATCACAATCCCAGAAGTACCTCCAGCCGAAGGCA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3761_Genome_Tile|1
CTCCCAACGGTCACAACGGGGAGGGAGAGACAGAGGGGAAAGAGGAAGTAGGAGCTGTAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3781_Genome_Tile|1
GAGGGAGAGACAGAGGGGAAAGAGGAAGTAGGAGCTGTAGGGGGTGCGGTAGGGGAACAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt4281_Genome_Tile|1
GCTACTAACACCCTAACATTACAGAAATAGTATAGTTTAACATTTTTTTACTTTTTTAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt4781_Genome_Tile|1
CTGAAGGTCCCATAGTTGACTCGCCTGTTGTGACCACCAGCAGAGGCTCAAGTGCCATAC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5081_Genome_Tile|1
CACCACGGCGCAGTAGCACACCACTTCAAAGAGCACTATCCATTGGCAGGCGTAGGGGGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5101_Genome_Tile|1
CCACTTCAAAGAGCACTATCCATTGGCAGGCGTAGGGGGCCTTCTCTAACAAATAGAAGG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5161_Genome_Tile|1
TTAGTTCAGCAAGTACAAGTAGACAATCCTTTATTTGTTTCTCGACCATCCAAATTAGTA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5181_Genome_Tile|1
AGACAATCCTTTATTTGTTTCTCGACCATCCAAATTAGTAAGGTTTGCTTTTGATAATCC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5301_Genome_Tile|1
CCCTGATAGGGATTTTTTAGACATTCGAAACTGGGACGACCCCAATACTCAACAACACC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5321_Genome_Tile|1
ACATTCGCAAACTGGGACGACCCCAATACTCAACAACACCTGCAGGTTATGTTAGGGTAA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5521_Genome_Tile|1
GCGACCATCATACAAGGTACTGTGGAAGTACGTTTCATAGACATGGATACAGCAGAAAAT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5541_Genome_Tile|1
TGTGGAAGTACGTTTCATAGACATGGATACAGCAGAAAATCCTTTGTCTGAGAGTATTGA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5781_Genome_Tile|1
AGATACTGCAGAAATAATTTATCCTACACCAGACATTCCCGTGGTGGTCATTCATACCCA

>HPV90_Alpha_22138122_nt0161_Genome_Tile|1
ATCCTACACCAGACATTCCCGTGGTGGTCATTCATACCCATGATAGCAGTGGTGACTTTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt0861_Genome_Tile|1
GAAAGCATTTTCCATTTGCAGCATGTCCCTGCGTGTCTGGAAGCAGCCGGGAACTAAGGC
>HPV90_Alpha_22138122_nt1261_Genome_Tile|1
GTGACAGCGGACAGGACATGGTTGATTTTATTGATAATAGTAGGCATCCCGGGGATGGAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt2061_Genome_Tile|1
AGTTACAGCACCGGCACAATCAGGTACAGATGCTATCCTGTCTCTGCTTAAAACAAGTAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3641_Genome_Tile|1
ACGACATAGAGTTTATTACCTTTGTAATATCGCTGAAAACTTTTTTAAAAGGCATACCAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3661_Genome_Tile|1
TGTAACCTGTGGCATGATAGTGCGGAACAAAGGGCAACCTTCCTATCAACCATAACCTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt3741_Genome_Tile|1
GTGCGGAACAAAGGGCAACCTTCCTATCAACCATAACCTTACCTAAAGACATTGAAGCAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt3761_Genome_Tile|1
TTCCTATCAACCATAACCTTACCTAAAGACATTGAAGCAGTACTGGGGTACATGACTATG
>HPV90_Alpha_22138122_nt3771_Genome_Tile|1
TACTGGGGTACATGACTATGTTAGCATAATATACTGGTATATTGTAAATATATGTAACT
>HPV90_Alpha_22138122_nt3781_Genome_Tile|1
TTAGCATAATATACTGGTATATTGTAAATATATGTAACTGTGTACAGTGCGGAACGTTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3821_Genome_Tile|1
ATTGTAAATATATGTAACTGTGTACAGTGCGGAACGTTAAGGGACATCTGTTGTATACA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3841_Genome_Tile|1
GTGTGGAGACCTTTATTTGCTACTTGTCTGCCTGGACACAACCTGCTGCTAATACTAATCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt3901_Genome_Tile|1
TACTTGTCTGCCTGGACACAACCTGCTGCTAATACTAATCTTCTTTTGGCTGTCTATCCTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt4061_Genome_Tile|1
CCTGGCGTTACTGCTTTTCTTATTGTATTCCTTACTGTGTTTCTAGGCCCTCCTGATCATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt4161_Genome_Tile|1
CAATAGTAGTATGTATCCTGTTGTAGTACGTGATAGAGATGGGGGGGAATATCCTGTAGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt4181_Genome_Tile|1
TTGCTTTTTCGTGTGTCTTATTTTGTATTATTTTACCTGCGTCTGTTGCAGTAGTTACCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt4201_Genome_Tile|1
TTTGTATTATTTTACCTGCGTCTGTTGCAGTAGTTACCTTACCCATTGTACCTATATGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt4221_Genome_Tile|1
GTCTGTTGCAGTAGTTACCTTACCCATTGTACCTATATGTATTGTATACACAGTGTATGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt4261_Genome_Tile|1
TACCCATTGTACCTATATGTATTGTATACACAGTGTATGTAGACACATGTAGTGGGTTTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt4281_Genome_Tile|1
AGACACATGTAGTGGGTTTGTGGGTGTCATACATTTATTGGGTGTGGGTATTTCATTATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt4481_Genome_Tile|1
TGGGTGTCATACATTTATTGGGTGTGGGTATTTCATTATAGTGGTGTGGTGTGGTGTGTTT
>HPV90_Alpha_22138122_nt4701_Genome_Tile|1
GTCCCTCCGATGTGATCAATAAGGTGGAACACACCACACTTGCAGACAAAATCCTGCAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5081_Genome_Tile|1
CGATCCTTCTATTGTCACATTGGTGGAGGATTCCAGCATAATTGCATCGGGCTCTCCCCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt5101_Genome_Tile|1
TGTACAGCAGGGCATAACCAACAAGTACATGTACAGGACCCAGGTTTTTATCACAGCCTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt5161_Genome_Tile|1
CAAGTACATGTACAGGACCCAGGTTTTTATCACAGCCTGAAACACTTGTTACCTATGAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5361_Genome_Tile|1
AATCCTGTATTTGACACAGAGGAAACCATACTATTTGAGCATCCTAGTATTCATCAGGTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5381_Genome_Tile|1
TTTTTATCAGGATTTAAGCCCTATTGCACCTGTTGCTGACGAGCTGGAAATGCAACCTTT

CTATTGCACCTGTTGCTGACGAGCTGGAAATGCAACCTTTGGTTTCTGACACTCCTGATT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5461_Genome_Tile|1
ATATATGCTGACACTGCTTCTGTGTCCCGTCACCGCACCTTGACCCCTACACGCCCCCTCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5481_Genome_Tile|1
TGTGTCCCGTCACCGCACCTTGACCCCTACACGCCCCCTCCACACCTTTACAGGCTCCATC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5521_Genome_Tile|1
ACACCTTTACAGGCTCCATCAGTGACTGCATCGTCTGCCCTATCATCTGCAGCATCCAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5541_Genome_Tile|1
AGTGACTGCATCGTCTGCCCTATCATCTGCAGCATCCAATACCACTGTGCCTCTATCTAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5561_Genome_Tile|1
TATCATCTGCAGCATCCAATACCACTGTGCCTCTATCTACAGGCTGGATATTCCTGTCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5581_Genome_Tile|1
ACCACTGTGCCTCTATCTACAGGCTGGATATTCCTGTCTTTAGTGGGCCTGACAGTGCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt5701_Genome_Tile|1
TCTGTTCTTGTAATGGGTCCACATATTATTTGTTGCCCCATTAGGTTTGCTACCTAAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6261_Genome_Tile|1
TATTTATTATAGGGTGC AAACCTCCTTTAGGCGAGCACTGGGCAAAGGGTACCCCATGCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6301_Genome_Tile|1
GGCAAAGGGTACCCCATGCAATATGTCTAATGTACAGGCTGGGGATTGCCCTCCTATAGA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6561_Genome_Tile|1
TTATAAGGCACCTTTTATAACAGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt6581_Genome_Tile|1
AGAGCAGGTACTATGGGCGACGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6601_Genome_Tile|1
CGCAATTCCCGATGGCTTTGTGCTAAAAGGAACATCTTCTACCTCTCGTGGCACTCCTAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7261_Genome_Tile|1
ACCCTCTACCGCCCCCTCTACAAAACGTAAACGGTCCAAACGTTCCCTAAGCATGTTATGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt7321_Genome_Tile|1
GTGTGTCTGTTGTATGCTGATGTTTACTGTGTCTGTACACGGGTTCCCTGTACTGTTGTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt7501_Genome_Tile|1
ACATAACATATATGTGTGGTGTCTGTATGTGACCCGGCCGTCCCCTAGCCTTTAATACC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7701_Genome_Tile|1
GGCCAGCTATACATTTCTTTTACAATATTTATTGTCTGTGTTACTCACACTCCAATAAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt7821_Genome_Tile|1
AAATTTGCTTTTCTATTCAACAATGTGTCTTGTAATCCTACTGTACAACCTTCAAACATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0061_Genome_Tile|1
TACATATAAAAAGCGTTGTAGAAAACAGTTATTTGGGGGCAATGTCTGCTACTGAACCCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0141_Genome_Tile|1
CTAGCTGATTTGTGCAAGGTATGCAATATTCCTATGCATAGTTTGCAACTTCCTTGTGCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0161_Genome_Tile|1
ATGCAATATTCCTATGCATAGTTTGCAACTTCCTTGTGCCTTTTGCAAGAAGACGGTGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0181_Genome_Tile|1
GTTTGCAACTTCCTTGTGCCTTTTGCAAGAAGACGGTGTGTACAGCAGAGATTTATGCAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0201_Genome_Tile|1
TTTTTGCAAGAAGACGGTGTGTACAGCAGAGATTTATGCATTTCAATATAAGGACCTATTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0221_Genome_Tile|1
TACAGCAGAGATTTATGCATTTCAATATAAGGACCTATTTGTGGTGTGGAGACACGGCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0281_Genome_Tile|1
TCCACATGCTGCATGTGCACTGTGCCTAGAACTGCACGGGCAAATAAATTATAGAAGGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0321_Genome_Tile|1
CAAATAAATTATAGAAGGCATCGCGACCGTGCCTGTGGGAAACAGTGGAACAAGAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0441_Genome_Tile|1
AACGTGGAAAAGCAACGGCACGTAGATTACAACAGGCGATTCCACTGTGTTAGAGGCTAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0461_Genome_Tile|1
CGTAGATTACAACAGGCGATTCCACTGTGTTAGAGGCTATTGGAAGGGTAGGTGTCTACA

>HPV54_Alpha_9628437_nt0481_Genome_Tile|1
TCCACTGTGTTAGAGGCTATTGGAAGGGTAGGTGTCTACATTGCTGGAAGCCATAATGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0541_Genome_Tile|1
TGGAAATGTGGCTACAATTGAGGATATAGTCCTTGATTTAAACCAGAACCGTTTGACCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0561_Genome_Tile|1
AGGATATAGTCCTTGATTTAAACCAGAACCGTTTGACCTGTACTGCAGGGAGCAATTAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0621_Genome_Tile|1
AAGACTCTGATGCAGAAGATGAGACAGCAGTAACACAACCTGACAAACAAGCATTTAAGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0641_Genome_Tile|1
GAGACAGCAGTAACACAACCTGACAAACAAGCATTTAAGGTGTTAAGCCAGTGTGGAGGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0661_Genome_Tile|1
TGACAAACAAGCATTTAAGGTGTTAAGCCAGTGTGGAGGTGTGTGTTGTAAGACAGTACG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0681_Genome_Tile|1
TGTTAAGCCAGTGTGGAGGTGTGTGTTGTAAGACAGTACGGCTATGTGTGTATAGCACGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0701_Genome_Tile|1
GTGTGTTGTAAGACAGTACGGCTATGTGTGTATAGCACGCACACAGGCATAAGGGTACTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0721_Genome_Tile|1
GCTATGTGTGTATAGCACGCACACAGGCATAAGGGTACTGCAGGAAGTCTTCATCAGGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0741_Genome_Tile|1
ACACAGGCATAAGGGTACTGCAGGAAGTCTTCATCAGGACGCACTGCAAAATAGTGTGTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0961_Genome_Tile|1
TTGATATGGTGGACTTTATTGATAATAGTGTGTACAGGTAGAGGGGCAGGAAAATCCAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0981_Genome_Tile|1
GATAATAGTGTGTACAGGTAGAGGGGCAGGAAAATCCACAGGCATTGTTACATGCCCAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1001_Genome_Tile|1
AGAGGGGCAGGAAAATCCACAGGCATTGTTACATGCCCAACAGCTGCAGGCAGATGTAGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1021_Genome_Tile|1
AGGCATTGTTACATGCCCAACAGCTGCAGGCAGATGTAGAGGCAGTGCAACAATTAAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1101_Genome_Tile|1
TATGTAAGTCCTGTTGCAAACAGCGAACCTGTGTAGAAAAGGACCTAAGCCCCCGGCTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1121_Genome_Tile|1
CAGCGAACCTGTGTAGAAAAGGACCTAAGCCCCCGGCTAGGGGCTATATCCCTAGGACG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1161_Genome_Tile|1
GGGGCTATATCCCTAGGACGGCGGTCAGCCAAAGCCAAACGACGGCTGTTTGATAAGGCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1221_Genome_Tile|1
CAACCGCCGCCAAATGGCCATACTGACGTGGAAGCTGCGGTGGAGGTAAATACCGAGGGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1241_Genome_Tile|1
TACTGACGTGGAAGCTGCGGTGGAGGTAAATACCGAGGGGACAGATGAAACAGAGACAGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1261_Genome_Tile|1
TGGAGGTAAATACCGAGGGGACAGATGAAACAGAGACAGACCAGGTGCAGACAGTATCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1281_Genome_Tile|1
ACAGATGAAACAGAGACAGACCAGGTGCAGACAGTATCTGGGGAAACAACACTACAGATAGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1321_Genome_Tile|1
GGGAAACAACACTACAGATAGCCTAGGAAGGCAGCAAATTACAGAATTAATACATAACACAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1341_Genome_Tile|1
CTAGGAAGGCAGCAAATTACAGAATTAATACATAACACAAATATTCGTGTAGCATTGTTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1361_Genome_Tile|1
AGAATTAATACATAACACAAATATTCGTGTAGCATTGTTTGGTATGTTTAAAGACCTATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1381_Genome_Tile|1
ATATTCGTGTAGCATTGTTTGGTATGTTTAAAGACCTATATGGATTAAGTTTATGGACC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1521_Genome_Tile|1
GATGGATTTAAACATTGCTAGAGCCACATTGTTTGTATGGCCATATCCAATGGCTAACA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1601_Genome_Tile|1
ATTATTATTAAACAAGATTTAAATGTGGCAAAAACAGATTAACAGTAAGTAAATGTTTAGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1641_Genome_Tile|1

ACAGTAAGTAAATGTTTAGGAATGTTATTAAATATACCAGAAACCCAAATGTTAATAGAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1761_Genome_Tile|1
GCAAGTGAAATATTTGGTACACCCCGGAATGGCTGGCCAGACAAACTGTAATTGAATAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1801_Genome_Tile|1
GACAAACTGTAATTGAATATAGCTTAGCAGACAGCCAGTTTGATTATCTAAAATGGTAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1881_Genome_Tile|1
TATATTGATGACAGTATTATTGCCCTGGAATATGCTAAATTAGCTGATATAGATGAAAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1901_Genome_Tile|1
TGCCCTGGAATATGCTAAATTAGCTGATATAGATGAAAATGCGGCTGCCTTTCTAGGAAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2041_Genome_Tile|1
TGTCACAATGGATTAAACATCGTTGTGATTTAGTAGAGGAGGAAGGTGAGTGAAGGAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2081_Genome_Tile|1
GGAAGGTGAGTGAAGGAAATAGTACGATTCCTTAGATATCAACATGTGGATTTTATATC
>HPV54_Alpha_9628437_nt2101_Genome_Tile|1
TAGTACGATTCCTTAGATATCAACATGTGGATTTTATATCTTTTATGATAGCATTAAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt2121_Genome_Tile|1
CAACATGTGGATTTTATATCTTTTATGATAGCATTAAACAATTTTACAAGGCATACCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2221_Genome_Tile|1
GAAAATCTAATTTGCCATGAGTTAATTAGCTTTTTAGGAGGTGAGTGCTATCATATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2421_Genome_Tile|1
AGAAAACATCGAGCTATGGTGCAAACAAATGTCCTCCACTAATAGTGACCTCCAACATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2441_Genome_Tile|1
GCAAACAAAATGTCCTCCACTAATAGTGACCTCCAACATAAATGCTAGTACAGACGACAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2461_Genome_Tile|1
TAATAGTGACCTCCAACATAAATGCTAGTACAGACGACAGATGGCGCTACCTACACAGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2501_Genome_Tile|1
ATGGCGCTACCTACACAGTAGAGTAAATGTTTTGTTTTCCCAATAGATTTCCATTTGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2521_Genome_Tile|1
GAGTAAAATGTTTTGTTTTCCCAATAGATTTCCATTTGATAGTAATGGAAACCCTGTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2541_Genome_Tile|1
CCCAATAGATTTCCATTTGATAGTAATGGAAACCCTGTGTATGATTTAAGTAATAAAAAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2561_Genome_Tile|1
TAGTAATGGAAACCCTGTGTATGATTTAAGTAATAAAAAATTGGAAATCATTCCTTTAAAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2581_Genome_Tile|1
ATGATTTAAGTAATAAAAAATTGGAAATCATTCCTTTAAAGGTCATGGTCACGTTTAGCGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt2601_Genome_Tile|1
TGGAAATCATTCCTTTAAAGGTCATGGTCAAGTTTAGCGCTGAACGACAACGATAACGAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2741_Genome_Tile|1
ATAAACTAGAGGACCAAATAGAACATTGGAAATGCATACGCCTGGAGTGTGCATTGCAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2881_Genome_Tile|1
AAGGCCATTGAACTGCAACTGCATTAGAGACATTGCAAAAGACAGTATACAGCACCGAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2961_Genome_Tile|1
ATGCCTGGAACGGTGAATGCACCACCAACTGGTTGCTTAAAAAGACGTGGACAAACAGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2981_Genome_Tile|1
CACCACCAACTGGTTGCTTAAAAAGACGTGGACAAACAGTAGATGTTATATTTGATGGGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3001_Genome_Tile|1
AAAAGACGTGGACAAACAGTAGATGTTATATTTGATGGGCATCAGGATAACACAATGCAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3021_Genome_Tile|1
AGATGTTATATTTGATGGGCATCAGGATAACACAATGCAATATGTAATGTGGGGAGATAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3041_Genome_Tile|1
ATCAGGATAACACAATGCAATATGTAATGTGGGGAGATATTTATTATCAAAACTGTGATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3061_Genome_Tile|1
TATGTAATGTGGGGAGATATTTATTATCAAAACTGTGATGGGGAGGGATGGACTAAGGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3081_Genome_Tile|1
TTATTATCAAAACTGTGATGGGGAGGGATGGACTAAGGTGTGCAGTAATATAGATGCAAT

>HPV54_Alpha_9628437_nt3101_Genome_Tile|1
GGGAGGGATGGACTAAGGTGTGCAGTAATATAGATGCAATGGGTATTTATTATATGGATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3121_Genome_Tile|1
TGCAGTAATATAGATGCAATGGGTATTTATTATATGGATGCAGAACACAAAGTGTATTAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3141_Genome_Tile|1
GGGTATTTATTATATGGATGCAGAACACAAAGTGTATTATGTGGATTTTAAAAAGGAAGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3161_Genome_Tile|1
CAGAACACAAAGTGTATTATGTGGATTTTAAAAAGGAAGCATCTAAGTATGGGGAATATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3181_Genome_Tile|1
GTGGATTTTAAAAAGGAAGCATCTAAGTATGGGGAATATGGACAGTGGGAGGTGCGTATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3201_Genome_Tile|1
ATCTAAGTATGGGGAATATGGACAGTGGGAGGTGCGTATGGGCAGCAGCATCATTTTTTTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3281_Genome_Tile|1
CCGAAGAGGCATTGTCAATATCCTCTACTGGCACTGCTGAACACACCAGACCAGCCAATT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3321_Genome_Tile|1
ACACACCAGACCAGCCAATTCACACCACGTACCGACAACCTCCACAAAAGCAATCCCGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3341_Genome_Tile|1
CCACACCACGTACCGACAACCTCCACAAAAGCAATCCCGTGCACGCCGCCCTAGAAAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3401_Genome_Tile|1
GAGCTAGAGTCTACAGCACAGACCAGCAACCACACAGCACCTCAGACCCCGTGGGCTGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3441_Genome_Tile|1
CTCAGACCCCGTGGGCTGTGACAACGACAGGCACATCAGTGACGATAACAACAAGAACCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3461_Genome_Tile|1
ACAACGACAGGCACATCAGTGACGATAACAACAAGAACCAAGGACGGCACACAAGTAGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3541_Genome_Tile|1
CACTTTAAAGGTGAACCTAATACATTAATAATGTTTTAGGCAAAGAATACAAAAGTATAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3621_Genome_Tile|1
CTCAACATGGCATTGGGCATGTGTACCAGGTACCCTAAGAATAGGGGCATTGTAACATT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3641_Genome_Tile|1
GTGTACCAGGTACCCTAAGAATAGGGGCATTGTAACATTAACCTATAGTAGTGTAGAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3661_Genome_Tile|1
AATAGGGGCATTGTAACATTAACCTATAGTAGTGTAGAACAAAGGCAACAATTTTTAGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3681_Genome_Tile|1
AACCTATAGTAGTGTAGAACAAAGGCAACAATTTTTAGTAAGTGTTCGCATTCCACCTAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3701_Genome_Tile|1
AAAGGCAACAATTTTTAGTAAGTGTTCGCATTCCACCTAGTATATCTATGTCATTAGGGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3741_Genome_Tile|1
TATATCTATGTCATTAGGGGTAATGTCATTATAACAGATAATCATTGTAAAGTTTGTGAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3761_Genome_Tile|1
TAATGTCATTATAACAGATAATCATTGTAAAGTTTGTGATTGTACATACTATATTGTAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3881_Genome_Tile|1
TGAGTGCATGCAGGCCTGCAGTGACTGAGGTGAGGTGTGTGTAGGTGTGTGTAGTGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3901_Genome_Tile|1
GTGACTGAGGTGAGGTGTGTGTGTAGGTGTGTGTAGTGTATGCAGTAATAATGTTGTATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3941_Genome_Tile|1
TGCAGTAATAATGTTGTATACAGTAAGTTGGTTAACATGTTGGTTTTATTATCCATGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3961_Genome_Tile|1
CAGTAAGTTGGTTAACATGTTGGTTTTATTATCCATGTTATTATGGCAATGTATTACAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3981_Genome_Tile|1
TGGTTTTTATTATCCATGTTATTATGGCAATGTATTACAACAGCATTTACTTTTTTTCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4001_Genome_Tile|1
ATTATGGCAATGTATTACAACAGCATTTACTTTTTTTCTTGTAGCCTTTATTCTATTGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4021_Genome_Tile|1
CAGCATTTACTTTTTTTCTTGTAGCCTTTATTCTATTGTGGGTACCTGCCCTGTGTGTTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4041_Genome_Tile|1

GTAGCCTTTATTCTATTGTGGGTACCTGCCCTGTGTGTTTATGTGCGCCTTGCCAGGCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4061_Genome_Tile|1
GGTACCTGCCCTGTGTGTTTATGTGCGCCTTGCCAGGCTTCTTGAACCTGACCTTCACTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4101_Genome_Tile|1
CTTGAACCTGACCTTCACTTTACATAAGGTGTTACTGTGCACACCTACTGTGGATGCCCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4121_Genome_Tile|1
TACATAAGGTGTTACTGTGCACACCTACTGTGGATGCCCTGTGTAACCTGCTTACCATAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4141_Genome_Tile|1
ACACCTACTGTGGATGCCCTGTGTAACCTGCTTACCATAGTATAATAAATATTGTGTAGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4161_Genome_Tile|1
GTGTAACCTGCTTACCATAGTATAATAAATATTGTGTAGATATATTTGTGTATTATGGCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4401_Genome_Tile|1
AGTGGCACAGGGGGCCGCACAGGGTATATACCACTTGGACGACCCTCTACTACCCTTGAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4421_Genome_Tile|1
AGGGTATATACCACTTGGACGACCCTCTACTACCCTTGAACCAGGTCCCTCCTGTACGTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4461_Genome_Tile|1
CCAGGTCCCTCCTGTACGTCCCGCAGGGGCTGTAGAAACAGTAGCACCCCTCTGACCCTTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4521_Genome_Tile|1
ATTGTGTCTTTAGTAGAGGAATCTAGTGTGTGGATGTTGGGGCACCAACCCCTACCATT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4621_Genome_Tile|1
CTACCCCTGCTATATTAGATGTCACCTCCACTACCACCCCTATTAGGGTGTCTATAACAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4641_Genome_Tile|1
GTCACCTCCACTACCACCCCTATTAGGGTGTCTATAACATCCCATGATAATCCTATATAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4661_Genome_Tile|1
TATTAGGGTGTCTATAACATCCCATGATAATCCTATATATACAGAGCCATCATTATTAGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4741_Genome_Tile|1
TGGATGGTCGTGTTTTAGTATCTACCTCTACTTTGCAATCGTCCACTGCTGAAAATATAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4761_Genome_Tile|1
TCTACCTCTACTTTGCAATCGTCCACTGCTGAAAATATACCTATGGACACTTTTATAATT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4801_Genome_Tile|1
CTATGGACACTTTTATAATTATGCAGGACCATATAGGCACAACAACCTAGCACACCTATAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4841_Genome_Tile|1
AACAACCTAGCACACCTATACCAAGGCCGCTGCACGCCCACGCTTAGGTTTATATTCCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4901_Genome_Tile|1
TGCCTTACAGCAAGTGCCTGTACAGGACCTGCCTTTTTACAACAGCCTTCCAGTCTTAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt5081_Genome_Tile|1
ACTTACAACCTCGTAGGGGGGTTGTACGTTATAGTAGGGTGGGCGACAGGGGCCACATTACA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5161_Genome_Tile|1
TTAAACCTCGTGTGCATTTTTTTTTCAGGACTTAAGCCCTATTGCTCATGTCCCTGAGGAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5181_Genome_Tile|1
TTTCAGGACTTAAGCCCTATTGCTCATGTCCCTGAGGAAATAGAATTACACCCTTTAATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5221_Genome_Tile|1
TAGAATTACACCCTTTAATATCTGCAAACAATACAAGCATTAACAATGGTCTTTACTCAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt5281_Genome_Tile|1
ATATATATGATGTATATGCTGACACAGATTTTGCTGACACTGGTGGTTTTCTCTTCTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5341_Genome_Tile|1
CTGTTTCACATAGTTCTGTACAAACAGCCCTACAACTACATCTATACCATCTCAGTATG
>HPV54_Alpha_9628437_nt5381_Genome_Tile|1
ATCTATACCATCTCAGTATGGTAACACCACAGTTCCCCTAACTGCCTCATCGCCATATAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt5441_Genome_Tile|1
ACCTATACCCACATCCTTTAGGCCCTCATCAGGTCACACCCCATTTGTTCCCGCACGTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt5501_Genome_Tile|1
TATATTTCCACAAACACCCATTGCTGTTAATGGTGGGGATTTTTACCTGCATCCTAGTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6221_Genome_Tile|1
CTATGGATTTTAAAACCTACAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTACCT

>HPV54_Alpha_9628437_nt6241_Genome_Tile|1
CAAACCTCAAAAAGTGAGGTACCCCTTGATGTAGCTACCTCAATTTGTAAATATCCTGAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6421_Genome_Tile|1
GACTTATACATTAAGAAATCCTCAGGTAACCTTGACAGTTCTATTTATGCTGCAACTCCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6621_Genome_Tile|1
AACATTGTGTGCTACAGCATCCACGCAGGATAGCTTTAATAATTCTGACTTTAGGGAGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6801_Genome_Tile|1
CTTTGGTATAACCCCCCAGCTACAAGTAGTTTGGAGGACACATATAGGTTTGTACAGTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6921_Genome_Tile|1
TAAATTTAATTTTGGACTGTTGACCTTAAGGAACGATTTTCATCTGACCTTGACCAGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7021_Genome_Tile|1
GCACGTCCGCGCCTTCGGCCTGTAAAGCGTGCAGCCCCCTTCCTCCTCTAAGGGTACAGCG
>HPV54_Alpha_9628437_nt7101_Genome_Tile|1
AAGGTAACAGTGTGTATGTTGTGTGTTGTATGTGTTGTTGTGTTTGTACCTTGTCTGTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7181_Genome_Tile|1
GTTATGTGTGGAATGTTTGTGTGTCTTATTTATGTTGTGACTCGTATGTTATATATGTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt7201_Genome_Tile|1
GTGTCCTATTTATGTTGTGACTCGTATGTTATATATGTTGTATGTTTTCTGTATTATAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7281_Genome_Tile|1
ACCCTATGAGTAACTTTTGTGTGATGTTGTTGCTACGTGCTTAGTAGCCTTTACCTTTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7301_Genome_Tile|1
GTGATGTTGTTGCTACGTGCTTAGTAGCCTTTACCTTTTACCTTTGGTGTCCATTTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt7401_Genome_Tile|1
CTGTTGGCACTAAAACTGTGTTTTAAAGCACTTTGTATCGTACATCTAATCTTTTGGGCGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7421_Genome_Tile|1
TTTTAAGCACTTTGTATCGTACATCTAATCTTTTGGGCGCGCCACATCCTGCCCTGGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7441_Genome_Tile|1
ACATCTAATCTTTTGGGCGCGCCACATCCTGCCCTGGTAGTTTGGCAGCACATCTGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7481_Genome_Tile|1
GTTTTTGGCAGCACATCTGCACACCCACACATTTATAACTGTCAGAACAACCTTCACTTTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7521_Genome_Tile|1
TCAGAACAACCTTCACTTTCCATTGTGTAAAAACACGCCCTTTGCATTCCAACATTGATTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7541_Genome_Tile|1
ATTGTGTAAAAACACGCCCTTTGCATTCCAACATTGATTTATATATTTTTTACATAATAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7601_Genome_Tile|1
AACATGCTAGTAGGCACATATTTTAGCTGTGTAAACTTAGTAAGTGCATAGTTGGCAAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7661_Genome_Tile|1
TAAACATAGGTGTATGCCAGGTACGTGTCTGTACAACAGTGACTAATTCAGGAAACCGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt0061_Genome_Tile|1
CGGTACATATAAAAGCACTGTGTACAACACCCAGGACATCCATGGATCGTCAGTTATTTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt0121_Genome_Tile|1
AAAATACAGAAGAGCGACCACGTACATTGCACCAGCTATGTGAAGTTGTGAATAAACCAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt0341_Genome_Tile|1
AAGATATTACAATTGTTTCAGTGTACGGGGCTAGCCTGGAAGCACTAACTAAAAAAAGTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt0561_Genome_Tile|1
GTATAATCATGCACGGTAACGTACCAACACTTCCACAATATATTATAGAACTTATACCAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt0941_Genome_Tile|1
TTCACGTGGAGGCAATAGTAAAAAACGTACAGGGGATGTAATATCTGAAGATGAAACAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt0961_Genome_Tile|1
AAAAAACGTACAGGGGATGTAATATCTGAAGATGAAACAGACGAGGAAAGCACCGAATCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt0981_Genome_Tile|1
AATATCTGAAGATGAAACAGACGAGGAAAGCACCGAATCTGATTTGGATGGGTTTATAGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt1001_Genome_Tile|1
ACGAGGAAAGCACCGAATCTGATTTGGATGGGTTTATAGACAATAGTAATATAATATCTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt1381_Genome_Tile|1

AGGAAGTGATATGGATGTGGATAGACAGGATATAATGCCACTGCAACAAATACAAGATAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt1801_Genome_Tile|1
GCATTATACTTTTATAAAACATCTATATCCAACATTAGTGACGTGTATGGGAGTACACCA
>HPV53_Alpha_9627377_nt2101_Genome_Tile|1
CAACAGATGAATATGAAACAATGGATAAAGCATGTATGTAGCAAGGTGGATGATGGTGGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt3181_Genome_Tile|1
AGTGTCTTCTGCAGTAAGCTATGAGGGCATATATTATATACATGACGGCCATAAAACGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt3201_Genome_Tile|1
ATGAGGGCATATATTATATACATGACGGCCATAAAACGTATTATACAAACTTTAAAGACG
>HPV53_Alpha_9627377_nt3541_Genome_Tile|1
GTGTGTGCGCAAGGAACACAGACAACACAACAACACCAGAAAACACCTCCCTGGTGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt3581_Genome_Tile|1
AGAAAACACCTCCCTGGTGGAGCTTCGTGTAACAACCCGAAATCGACAGTGGTTATAAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt3601_Genome_Tile|1
AGCTTCGTGTAACAACCCGAAATCGACAGTGGTTATAAGACTGCACCTGTAGTACATAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt3701_Genome_Tile|1
TTTCAAAAACATAAACAACCTGTTTGTACTGTATCATCCACCTATCATTTGGACAAATGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt3721_Genome_Tile|1
GTTTGTACTGTATCATCCACCTATCATTTGGACAAATGTAAACTGTGCTGTAAATAATAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt3741_Genome_Tile|1
CCTATCATTTGGACAAATGTAAACTGTGCTGTAAATAATAGTTATATTACTGTTGTATATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt3761_Genome_Tile|1
AACTGTGCTGTAAATAATAGTTATATTACTGTTGTATATAAAGATGAAACCCAACGCCAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt3841_Genome_Tile|1
AATACCCCTAGTGTATCACTGGTACTGGGACATATGACATGTGTTGATATGTAATGTTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt3941_Genome_Tile|1
CCTGGTATATACAATACTACACACGCCATATATGCTGCTAGGCCTGTAAACTTGCAACCA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4121_Genome_Tile|1
TATTTTGGTTTGTGTGGCATCATCCTACATAACCACATTTACACTATATATACTTTTTTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt4141_Genome_Tile|1
TCATCCTACATAACCACATTTACACTATATATACTTTTTTTTTTACTTCCCTTTATTATGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt4161_Genome_Tile|1
TACACTATATATACTTTTTTTTTTACTTCCCTTTATTATGTTTCTATAGCCATGCTGTGTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt4521_Genome_Tile|1
CTGTTGTTGATGTAACCCCTGCTCGGCCCCCTATTGTTGTAGAATCGGTAGGCCCCACTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt4581_Genome_Tile|1
ACCCTTCAATTGTTACATTGGTTGAAGAATCCAGTGTTATTGAGTCTGGAGCTTCGTTCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt4721_Genome_Tile|1
TCTACCTCTGTACATGTTAGTTCTACTACATATACTAATCCACATTTGTAGACCCTCCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt4741_Genome_Tile|1
TTCTACTACATATACTAATCCACATTTGTAGACCCTCCTGTTATTGAGGTCCCCCAAAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt4941_Genome_Tile|1
GTATAGCTGCCCCACGTTTATATAAAAAAGCCTTTCAACAGGTTAAGGTCACAGATCCTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt4961_Genome_Tile|1
TATAAAAAAGCCTTTCAACAGGTTAAGGTCACAGATCCTGCATTTCTTCACAAACCTGAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4981_Genome_Tile|1
GGTTAAGGTCACAGATCCTGCATTTCTTCACAAACCTGAAACTTTAATTAATGTTGATAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5001_Genome_Tile|1
CATTTCTTCACAAACCTGAAACTTTAATTAATGTTGATAATCCCATATTTCAAAATGCTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt5421_Genome_Tile|1
CTTTTAGTGGTAGTACCTCTAATGTTACAATACCCTTTGGTACATCTTGGGATGTTCCCA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5461_Genome_Tile|1
TACATCTTGGGATGTTCCCATCTATTCAGGTCCTGATGTAGTGTGCCCACAGGACCCCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt5501_Genome_Tile|1
GTGTTGCCCACAGGACCCCTACATGGCCTTATGCACCTCAATCTCCTTTTGATACCACC

>HPV53_Alpha_9627377_nt5781_Genome_Tile|1
CTTACCGTGGGACATCCTTATTACCCCATTTCTAAATCTGGTAAAGCAGACATCCCTAAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt6161_Genome_Tile|1
GGGTACGGCCTGTCGTTCCACACCTACTACAGCGGGCGACTGCCCCCATTTGGAACCTTAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6441_Genome_Tile|1
GGCGTTATTGGTGAGGAAATACCTAATGACTTATATATTAAGGGTAGTAATGGCAGGGAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6461_Genome_Tile|1
ACCTAATGACTTATATATTAAGGGTAGTAATGGCAGGGACCCGCCCCCTAGCTCTGTATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt6821_Genome_Tile|1
TACTATGAATTCTACCTTACTGGAAGACTGGAATATAGGTTTGTGCGCTCCTGTTGCCAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt7081_Genome_Tile|1
CTGTATCCTCTAAAAACGCTCTGCTTCTACTACATCTACCTCAGCCCCCTCCTCCAAGC
>HPV53_Alpha_9627377_nt7101_Genome_Tile|1
TCTGCTTCTACTACATCTACCTCAGCCCCCTCCTCCAAGCGCAAACGCAAATAGTATGTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7141_Genome_Tile|1
GCAAACGCAAATAGTATGTTGTGTGTCTGTATTGTGTATGTATGGTTGTATTATGTACTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7161_Genome_Tile|1
GTGTGTCTGTATTGTGTATGTATGGTTGTATTATGTACTATTTATTTATTGTGTATACTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7181_Genome_Tile|1
TATGGTTGTATTATGTACTATTTATTTATTGTGTATACTGTATGTGTGTATTTGTTGTCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7201_Genome_Tile|1
TTTATTTATTGTGTATACTGTATGTGTGTATTTGTTGTCTGTGTGTATGACTGTATGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7361_Genome_Tile|1
CATGTTAGGTGGCGTCCCTGTTTATATACCAATCTCCACCCTGTATTATTAATATATGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7381_Genome_Tile|1
TTTATATACCAATCTCCACCCTGTATTATTAATATATGTACTGTTATCATGCAGTTACCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7401_Genome_Tile|1
CTGTATTATTAATATATGTACTGTTATCATGCAGTTACCTATACCACATATAGTATAGCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7421_Genome_Tile|1
CTGTTATCATGCAGTTACCTATACCACATATAGTATAGCTTATAGGTATCCATTTTAGTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7441_Genome_Tile|1
ATACCACATATAGTATAGCTTATAGGTATCCATTTTAGTTTGGCGCCTTTTGGTACCCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7601_Genome_Tile|1
GTTTAATGTTTTTTTGTGTTTATACACTATGCCTTACCTATTAGTCACTTACTGTAGGCTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt0061_Genome_Tile|1
TATAAAAGTAAAAGGCTAGCTACGTGCAAAACAGCTATGTTTCGAGGATCCTAGAGAACGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt0201_Genome_Tile|1
AACCTTACAATGGGCTGATGTATATAATTTTGCAATTTGTGACCTAAGAGTAGTATATAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt0241_Genome_Tile|1
GACCTAAGAGTAGTATATAGAGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGCAAAAAGATGTGTAATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt0261_Genome_Tile|1
AGATAGGAGTCCGTATGCTGCATGCAAAAAGATGTGTAATATTTTATTCAAAAATAACAGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt0281_Genome_Tile|1
CATGCAAAAAGATGTGTAATATTTTATTCAAAAATAACAGAGTATAGACGCTATACATGTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt0541_Genome_Tile|1
CAAGTGTAAGAACAATGCATGGAAACATAATTAATATTGAAGATGTAATACTAGATCTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt1161_Genome_Tile|1
TGCAAGACATAACAAATCAACACAGACAGCAAAGCGACAGTCAGCAGAATACACACCAAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt1181_Genome_Tile|1
CACAGACAGCAAAGCGACAGTCAGCAGAATACACACCAAGTAAATAATTCACAGGCCAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt1341_Genome_Tile|1
GGTTGCCTAGTGTGTGTAGTCAGGGGGGGTCAAATGCCTCAGTGGAAGATATCGATGTAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt1381_Genome_Tile|1
AGTGGAAGATATCGATGTAGACACACATGTAAACAGTGTTACACAAAATATGTGAATTATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt2101_Genome_Tile|1

ATCTATGTGTATGTCACAATGGCTACAATATAGATGTTCTAAAATAGAAGAGGGCGGGTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt2121_Genome_Tile|1
GGCTACAATATAGATGTTCTAAAATAGAAGAGGGCGGGTCGTGGAAGGAAATTGCCAAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt2141_Genome_Tile|1
AAAATAGAAGAGGGCGGGTCGTGGAAGGAAATTGCCAAATTTTTAAGGTTTCAACATGTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt2941_Genome_Tile|1
CATGGCAGGCAATTGAAATACATATAGCATTCAGTCGTTAATAAACACGGACTATAATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt2961_Genome_Tile|1
CATATAGCATTCAGTCGTTAATAAACACGGACTATAATACAGAAGCTTGGACAATGCGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt3141_Genome_Tile|1
TATGTGTATTATAAACTGATATAGGGTGGTGTAAGGTACTGGAGATGTTGATGCAAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt3181_Genome_Tile|1
CTGGAGATGTTGATGCAAAAGGGATATATTATACACAAGGGGCATATAAGCAGTATTACG
>HPV26_Alpha_9627305_nt3401_Genome_Tile|1
CCAGACCACCGAAGCCTACGTGCCCCGTGGGCACCAAGGAAACCGAGGCGCCATACCCAGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt3541_Genome_Tile|1
AGTCAGTGGACTATACAAACAACAACCTACACAGTACAAGTGGAGGCCATCACCCGGGAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt3741_Genome_Tile|1
GATACCAATCAACAAGGCATTGTAACAATTACCTTTAACAGTATAACACAACGTAATAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt3841_Genome_Tile|1
CATTGGGAATAATGTCATTGTAATATAGTGATATTTTTACCAACACAAGCCAATATGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4001_Genome_Tile|1
ACTTTTGCTTTCCATTTATGTGTTTGCAGCCTCGCTATTATTAGTGTTTTGTTTTGGTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4041_Genome_Tile|1
TTAGTGTTTTGTTTTGTTTTGTTGTTATCTACATCATATATAACTACCTATATTGTGTAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4061_Genome_Tile|1
TGTGGTATCTACATCATATATAACTACCTATATTGTGTATATTTGCTTATTTTTTATACC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4081_Genome_Tile|1
TAACTACCTATATTGTGTATATTTGCTTATTTTTTATACCTGCTTGTTTTTACATTTTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4101_Genome_Tile|1
ATTTGCTTATTTTTTATACCTGCTTGTTTTTACATTTTTTATACTGTAATGGTAATTGCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4121_Genome_Tile|1
TGCTTGTTTTTTACATTTTTTATACTGTAATGGTAATTGCTACTTAGTCCCTTTAATAAAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4141_Genome_Tile|1
ATACTGTAATGGTAATTGCTACTTAGTCCCTTTAATAAACGTGTTACAATGGTAGCTGTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4641_Genome_Tile|1
ACATGTAACAAGTACCAATATACAAAATCCATTATATATTGAACCCCCCTATAGATATACC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4681_Genome_Tile|1
GAACCCCCCTATAGATATACCACAGGCCGGGGAAGCATCAGGTCATATATTTACTACAACG
>HPV26_Alpha_9627305_nt4701_Genome_Tile|1
ACAGGCCGGGAAGCATCAGGTCATATATTTACTACAACGTCCACAGCTGGCACACATAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt4721_Genome_Tile|1
GTCATATATTTACTACAACGTCCACAGCTGGCACACATAGTTATGAAGAAATTCCAATGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt4841_Genome_Tile|1
GTATACAACGAGTGTGAGCTCCTCGTTTGTATAGTAAGGCCTATCAACAGGTAAAGGTTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt4941_Genome_Tile|1
CTTTGATAATCCTGCATATGAACCTATAGATGAAACACTTACATATGCTTCCAGTAGTAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4961_Genome_Tile|1
AACCTATAGATGAAACACTTACATATGCTTCCAGTAGTACTGTAGCACCTGACCCCGATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5161_Genome_Tile|1
ATTAGTCCTATACAGTCTTTTGCTGAACACGAAGAAATTGAATTGCAGCCTTTACATACA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5181_Genome_Tile|1
TGCTGAACACGAAGAAATTGAATTGCAGCCTTTACATACATCTACCCATTCATCTGCACC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5201_Genome_Tile|1
AATTGCAGCCTTTACATACATCTACCCATTCATCTGCACCTTTGTTTGATATATATGCAG

>HPV26_Alpha_9627305_nt5221_Genome_Tile|1
TCTACCCATTTCATCTGCACCTTTGTTTGATATATATGCAGACCCTGATACAGTTCCTAGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5261_Genome_Tile|1
ACCCTGATACAGTTCCTAGCATACATACGCCGCGCATGTCATATTCCTTACAACATTAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5281_Genome_Tile|1
ATACATACGCCGCGCATGTCATATTCCTTACAACATTACCAGTTCCAAGATATGCCTCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5301_Genome_Tile|1
ATATTCCTTACAACATTACCAGTTCCAAGATATGCCTCCAATGTGTTTTCTCTATTAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5321_Genome_Tile|1
CAGTTCCAAGATATGCCTCCAATGTGTTTTCTCTATTAATACTTCCACTACCAATGTTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5361_Genome_Tile|1
TACTTCCACTACCAATGTTACTGTGCCTTTATCCACCTCATTTGAACTACCTGTATATAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5381_Genome_Tile|1
CTGTGCCTTTATCCACCTCATTTGAACTACCTGTATATAGTGGGTCAGACATTTACACGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5401_Genome_Tile|1
TTTGAACCTACCTGTATATAGTGGGTCAGACATTTACACGCCACATCTTCCCGACATGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5461_Genome_Tile|1
CCATCATTTGCCCCCCCCACCCACCACTAACTTACCTGCAATAGTTGTGCATGGGGATAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5701_Genome_Tile|1
CAGCTCTCGTTTATTAACATTAGGACATCCATATTTTTTCATACCTAAACTGGCCAAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5941_Genome_Tile|1
ACATCCTTTGTTTAAATAAGTTGGATGATACCGAAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt5961_Genome_Tile|1
TGGATGATACCGAAAACCTCTCATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAACAGGGACA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5981_Genome_Tile|1
CATTTGGCTACTGTAAATGCAGACACTGACAACAGGGACAATGTTTCAGTTGATAATAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6061_Genome_Tile|1
AGGTTGTACACCGCCCTTGGGAGAGCACTGGGGTATTGGCACTATATGTAAAAATACACA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6101_Genome_Tile|1
ACTATATGTAAAAATACACAGACACAACGTGGGGATTGCCCCCCTTAGAATTAATTTCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6361_Genome_Tile|1
TTTTTATAATAAGGCGGGGGCTGTTGGGGATGCTATACCCACCACCTTTGTATATTAAAGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6381_Genome_Tile|1
CTGTTGGGGATGCTATACCCACCACCTTTGTATATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGGAGC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6401_Genome_Tile|1
ACCACCTTTGTATATTAAAGGTGCTGAATCAGGCAGGGAGCCCCCTACATCTTCTATTTAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6721_Genome_Tile|1
GTTGTGTAAAAATAACACTTACAACAGATGTTATGGCTTACATACATTTAATGAATGCCTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6981_Genome_Tile|1
TAGGGCGTAAGTTTATGTTACAGGCCGGCATACAACGGCGGCCGAAACTAGGCACCAAAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt7001_Genome_Tile|1
CAGGCCGGCATACAACGGCGGCCGAAACTAGGCACCAAACGTCCCTTATCTTCTACCTCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt7121_Genome_Tile|1
TATATGTTTGTGGTATGTTATGTAAGGTGTGTTTGTATGTGTGTACAACGTATGTAATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7201_Genome_Tile|1
ATGTATTATATGTATGCATGGTTATGTGTTTCCCTGTTTGTATGCATACTTGTATTATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7221_Genome_Tile|1
GTTATGTGTTTTCCTGTTTGTATGCATACTTGTATTATAAAGTATGAATGTGTCTTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt7241_Genome_Tile|1
TATGCATACTTGTATTATAAAGTATGAATGTGTCTTCATGCATGGTTACATGTCTTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt7261_Genome_Tile|1
TAAAGTATGAATGTGTCTTCATGCATGGTTACATGTCTTTACTACACTATTTGTCAATTTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7281_Genome_Tile|1
ATGCATGGTTACATGTCTTTACTACACTATTTGTCAATTTGTTTTACCCCTGAGGTAATGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7301_Genome_Tile|1

ACTACACTATTTGTCATTTGTTTTACCCCTGAGGTAATGGGAGGAACCTTAGGTGGTGTGTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt7321_Genome_Tile|1
TTTTACCCCTGAGGTAATGGGAGGAACCTTAGGTGGTGTCCCTTATAATTATTATATTAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt7361_Genome_Tile|1
CCTTATAATTATTATATTACACAAGTTTACCTTTTATATGTATTTCACTAAACTTTTGTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7381_Genome_Tile|1
ACAAGTTTACCTTTTATATGTATTTCACTAAACTTTTGTAGTGTTATATTTTACTTTTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt7621_Genome_Tile|1
ATATTTAAACAATACTTACATAAGCACTTTTCTTACATTATAATAAAACTGCTGTTAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0001_Genome_Tile|1
ATAGTTGGCAACAATCACCTCTGCAGAAAAATATAACCGGCAGTGGTACTGCAGATTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0021_Genome_Tile|1
CTGCAGAAAAATATAACCGGCAGTGGTACTGCAGATTATTATTTTTTGCCGAAGTATGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0041_Genome_Tile|1
GCAGTGGTACTGCAGATTATTATTTTTTGCCGAAGTATGCAGATGGAGGATTCTTATCTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0061_Genome_Tile|1
TATTTTTTGCCGAAGTATGCAGATGGAGGATTCTTATCTACCAAACGGCTAGATGACTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0081_Genome_Tile|1
AGATGGAGGATTCTTATCTACCAAACGGCTAGATGACTTCTGTTGATTTTTAATATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0101_Genome_Tile|1
CCAAAACGGCTAGATGACTTCTGTTTCGATTTTTAATATTTCTCTTTTGGATGTGCATCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0141_Genome_Tile|1
CTCTTTTTGATGTGCATCTTCCTTGCATATTTTGTGGCTATATTTGGACCTACAGCAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0161_Genome_Tile|1
CCTTGCATATTTTGTGGCTATATTTTGGACCTACAGCAGTTGGGTTCGTTCTATCAGAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0181_Genome_Tile|1
TATTTTGGACCTACAGCAGTTGGGTTCGTTCTATCAGAAACAGCTTAGTTTGGTCTGGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0201_Genome_Tile|1
TGGGTTCGTTCTATCAGAAACAGCTTAGTTTGGTCTGGAGGAGCGGTGCTTGTGTTTGCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0221_Genome_Tile|1
CAGCTTAGTTTGGTCTGGAGGAGCGGTGCTTGTGTTTGCCTGTTGTGTCCCTTGTCTAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0241_Genome_Tile|1
GAGCGGTGCTTGTGTTTGCCTGTTGTGTCCCTTGTCTAGGCTTTCTGCTAGGTATGAGGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0281_Genome_Tile|1
CTTTCTGCTAGGTATGAGGCTGAACGCTTTTACCGCTGCTCTGTAAAGGGAATTCATTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0301_Genome_Tile|1
TGAACGCTTTTACCGCTGCTCTGTAAAGGGAATTCATTTTGGAGGATTTCCCTAAGAAAGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0321_Genome_Tile|1
CTGTAAAGGGAATTCATTTTGGAGATTTCCCTAAGAAAGAATCTAGCTGATGTGGTATGCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0341_Genome_Tile|1
GAGGATTTCCCTAAGAAAGAATCTAGCTGATGTGGTATGCCGATGCTATGAATGTATGTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0361_Genome_Tile|1
TCTAGCTGATGTGGTATGCCGATGCTATGAATGTATGTCATTGCTTGATTTACCTGAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0381_Genome_Tile|1
GATGCTATGAATGTATGTCATTGCTTGATTTACCTGAAAAATTAGATTGTATCTTTAGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0401_Genome_Tile|1
TTGCTTGATTTACCTGAAAAATTAGATTGTATCTTTAGGGGTGAGTGTTCATCTTGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0421_Genome_Tile|1
ATTAGATTGTATCTTTAGGGGTGAGTGTTCATCTTGTGAGAAACACTTGGAGGGGAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0441_Genome_Tile|1
GTGAGTGTTCATCTTGTGAGAAACACTTGGAGGGGAACGTGCAGAAATTGTTGTAGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0461_Genome_Tile|1
AGAAACACTTGGAGGGGAACGTGCAGAAATTGTTGTAGAAATGATTGGGAAGGAGCCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0481_Genome_Tile|1
GTGCAGAAATTGTTGTAGAAATGATTGGGAAGGAGCCCTCAATTAATGATCTAGAAATA

>HPV88_Gamma_167600365_nt0501_Genome_Tile|1
AATGATTGGGAAGGAGCCCTCAATTAATGATCTAGAAATAAAGCTGGAAGAACATGTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0521_Genome_Tile|1
CAATTAATGATCTAGAAATAAAGCTGGAAGAACATGTATTGCCTGCTAACCTTTTAAGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0541_Genome_Tile|1
AAGCTGGAAGAACATGTATTGCCTGCTAACCTTTTAAGCAACGAGGTTTTGTCATCTGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0621_Genome_Tile|1
GGAGCGAGAACCTTTCCAAATAGATACCAGTTGCGCCTTCTGTGAAGCAGGTGTAAGGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0641_Genome_Tile|1
TAGATACCAGTTGCGCCTTCTGTGAAGCAGGTGTAAGGGTATTTGTTCTAGCTTCACCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0661_Genome_Tile|1
TGTGAAGCAGGTGTAAGGGTATTTGTTCTAGCTTCACCAGCCGGAATTCGCACGCTTCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0701_Genome_Tile|1
CCGGAATTCGCACGCTTCAGCAGCTTTTACTTGCAGAGATTTCCATAAGTTGCCCTGGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0721_Genome_Tile|1
CAGCTTTTACTTGCAGAGATTTCCATAAGTTGCCCTGGGTGTTCCAGGAACAACCTTCGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0761_Genome_Tile|1
GTTCCAGGAACAACCTTTCGACATGGCAGACCCCAATAAAGGTACTGATACTACTGATAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0821_Genome_Tile|1
TTTGACTGTAATTCTGAATGGTTACTTGTAGATGAAGCAGAATGTGTAGACGATTTAGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0841_Genome_Tile|1
GTTACTTGTAGATGAAGCAGAATGTGTAGACGATTTAGATGTACTTGATGAATTGTTAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0861_Genome_Tile|1
AATGTGTAGACGATTTAGATGTACTTGATGAATTGTTAGAAGAAAGTACGCAATGTTCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0881_Genome_Tile|1
GTACTTGATGAATTGTTAGAAGAAAGTACGCAATGTTCAACGGTTTCAAACCTTGATTGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0901_Genome_Tile|1
AGAAAGTACGCAATGTTCAACGGTTTCAAACCTTGATTGATGATGACCCAGTTGATATTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0941_Genome_Tile|1
GATGACCCAGTTGATATTGAGGATCAGGGAAATTCCCTGGCCTTATTCAACAGTCAGGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0981_Genome_Tile|1
CCTTATTCAACAGTCAGGTAACAGAGGATTGTAACACAGCTATAAGCGCCCTAAAACGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1041_Genome_Tile|1
AGTTAATCAAAAAGTCCGCAGCTGCAGACTGTTGCTGAGTTGAGTCCAAGGCTTCAAGCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1141_Genome_Tile|1
CGATGACAGTGGCATAGGAGAAGATGAAGCTCAAATACTTCTCAGGTAGCGTTGGACTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1161_Genome_Tile|1
AAGATGAAGCTCAAATACTTCTCAGGTAGCGTTGGACTCCTTAGAAAAGCTCCTTAGAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1181_Genome_Tile|1
TCTCAGGTAGCGTTGGACTCCTTAGAAAAGCTCCTTAGAGACATCGGGAGCTGGGCTAACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1221_Genome_Tile|1
CATCGGGAGCTGGGCTAACTATTAACCTTTTACATTGCAGCAACCGACAGGCAACCGTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1241_Genome_Tile|1
ATTAACCTTTTACATTGCAGCAACCGACAGGCAACCGTCCATCTAAAAATTAAAGAACTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1261_Genome_Tile|1
CAACCGACAGGCAACCGTCCATCTAAAAATTAAAGAACTCTATGGTGTATCATTTAAAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1281_Genome_Tile|1
ATCTAAAAATTAAAGAACTCTATGGTGTATCATTTAAAGAACTAACTAGAAATTTTAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1301_Genome_Tile|1
TATGGTGTATCATTTAAAGAACTAACTAGAAATTTTAAAGTGATAAGTCTTGTTCGAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1341_Genome_Tile|1
GTGATAAGTCTTGTTCGAATAGCTGGGTAATTGCTGTGTATAATGCTGTAGAAGAAGTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1381_Genome_Tile|1
TAATGCTGTAGAAGAAGTTCTGGAGGCATCAAAGGTGCAGCTTCAGAAGCATGTAGAGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1401_Genome_Tile|1

TGGAGGCATCAAAGGTGCAGCTTCAGAAGCATGTAGAGTTCTTACAGTTAATAGTGTATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1421_Genome_Tile|1
CTTCAGAAGCATGTAGAGTTCTTACAGTTAATAGTGTATGGATTTTCATGGGTTGTATCTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1441_Genome_Tile|1
CTTACAGTTAATAGTGTATGGATTTTCATGGGTTGTATCTAATTGTATTTAAAAGCACTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1461_Genome_Tile|1
GATTTTCATGGGTTGTATCTAATTGTATTTAAAAGCACTAAAAATAGAGATACTGTATCTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1481_Genome_Tile|1
ATTGTATTTAAAAGCACTAAAAATAGAGATACTGTATCTAAATTGTTTACGGAAATGTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1501_Genome_Tile|1
AAATAGAGATACTGTATCTAAATTGTTTACGGAAATGTTAAATGTTAATGCTTTACAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1581_Genome_Tile|1
CAAGAAGTGTCCGGTAGCGTTATTTTTTTATAGAAAAAGTTTGGGAAATGCTTCTTTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1601_Genome_Tile|1
TTATTTTTTTATAGAAAAAGTTTGGGAAATGCTTCTTTTATGTATGGAGAAGTTCCAGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1621_Genome_Tile|1
TTTGGGAAATGCTTCTTTTATGTATGGAGAAGTTCCAGATTGGATTAAAAAACAAACCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1661_Genome_Tile|1
TGGATTAAAAAACAAACCTTGGTAGAGCATCAGTCTGCGTCAGCAGCAGAGACATTTGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1681_Genome_Tile|1
GGTAGAGCATCAGTCTGCGTCAGCAGCAGAGACATTTGATTTTAGCTCTATGGTTCAATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1861_Genome_Tile|1
AGATTGTGCCGCAATGGTAAAAATGTATAGAAGGTATGAATTGAGACAAATGTCAATGGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1901_Genome_Tile|1
TTGAGACAAATGTCAATGGCTGAATGGATAGATAAATGTTGTTCAAAATGTACCGAAAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1921_Genome_Tile|1
TGAATGGATAGATAAATGTTGTTCAAAATGTACCGAAAAATGGTAACTGGAAAATAATTGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1961_Genome_Tile|1
GGTAACTGGAAAATAATTGCTACATTTCTGAAACATCAGAATGTACAATTTTATCATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1981_Genome_Tile|1
TACATTTCTGAAACATCAGAATGTACAATTTTATCATTTCTCATTGCATTGAAACCTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2021_Genome_Tile|1
CTCATTGCATTGAAACCTTTCTTACAGGGTGTTCCAAAGAAGAATTGTCTGGTGTGTTGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2061_Genome_Tile|1
AGAATTGTCTGGTGTGTTGTTGGGCCCCCTGACACTGGGAAATCATATTTCTGCTTCTCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2101_Genome_Tile|1
ATCATATTTCTGCTTCTCATTAATACGTTTTTTTTGGGGGAAAAGTTGTGTCCTTTATGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2141_Genome_Tile|1
AAAGTTGTGTCCTTTATGAATAGAAATAGTCATTTCTGGTTACAACCATTGCAAGATACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2241_Genome_Tile|1
TGTATATGGATATTAACCTTCGGAATGGACTAGATGGTAATCTTGATCTCTTGATGCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2321_Genome_Tile|1
ATGAAATTACCTCCTTTACTTGTTACCACTAACGTGGATGTAATGGAGGATCAATCCTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2341_Genome_Tile|1
TGTTACCACTAACGTGGATGTAATGGAGGATCAATCCTTAAGATATCTGCATAGTAGACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2361_Genome_Tile|1
TAATGGAGGATCAATCCTTAAGATATCTGCATAGTAGACTAGTATGTTTTAAATTCCCTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2381_Genome_Tile|1
AGATATCTGCATAGTAGTATGTTTTAAATTCCTTAACAAATTACCACTGAATGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2401_Genome_Tile|1
AGTATGTTTTAAATTCCCTAACAAATTACCACTGAATGACGATGGCTCCCTTGTATATGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2421_Genome_Tile|1
ACAAATTACCACTGAATGACGATGGCTCCCTTGTATATGAAATAACGAATGATACATGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2441_Genome_Tile|1
GATGGCTCCCTTGTATATGAAATAACGAATGATACATGGGCCTGTTTTTTTAGAAAAATT

>HPV88_Gamma_167600365_nt2461_Genome_Tile|1
AATAACGAATGATACATGGGCCTGTTTTTTTAGAAAATTTGCTACCCAGTTAAACCTGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2561_Genome_Tile|1
AGAACGTTTCGTTGCACTGCAAGATGCCATATTGAATCTAATTGAAAGGGGAGAACTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2581_Genome_Tile|1
AAGATGCCATATTGAATCTAATTGAAAGGGGAGAACTGATTTAAGATCCCAAATACAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2601_Genome_Tile|1
ATTGAAAGGGGAGAACTGATTTAAGATCCCAAATACAATATTGGGAGCTGGTTAGAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2641_Genome_Tile|1
ATTGGGAGCTGGTTAGAAAAGAGCAGGTGATCCTTTATTATGCTAGAAAAGAGTGGCTATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2681_Genome_Tile|1
TGCTAGAAAAGAGTGGCTATAATAGACTTGGCCTGCAGCCTACTCCAGCACCAGCGGTTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2701_Genome_Tile|1
ATAGACTTGGCCTGCAGCCTACTCCAGCACCAGCGGTTTCAGAATACAATGCTAAACAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2741_Genome_Tile|1
AGAATACAATGCTAAACAAGCTATCCATCTCCAGCTTATGTTAAAATCCCTTGAAAAATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2761_Genome_Tile|1
CTATCCATCTCCAGCTTATGTTAAAATCCCTTGAAAAATCAAAATTTGCAAAAAGAGCCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2781_Genome_Tile|1
TTAAAATCCCTTGAAAAATCAAAATTTGCAAAAAGAGCCATGGTCATTAAGTATGCAAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2801_Genome_Tile|1
AAAATTTGCAAAAAGAGCCATGGTCATTAAGTATGCAAGTGCAGAGCTTGTAATACTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2841_Genome_Tile|1
GCAGAGCTTGTAATACTCCTCCTAGGGACTGCTTCAAAAAGGAGGATTTACAGTAACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2861_Genome_Tile|1
TCCTAGGGACTGCTTCAAAAAGGAGGATTTACAGTAACTGTGTACTTTGATAATGATCG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2881_Genome_Tile|1
AAGGAGGATTTACAGTAACTGTGTACTTTGATAATGATCGAGAAAACAGCTTTCCTTACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2901_Genome_Tile|1
GTGTACTTTGATAATGATCGAGAAAACAGCTTTCCTTACACACAATGGGAACATATTTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2921_Genome_Tile|1
AGAAAACAGCTTTCCTTACACACAATGGGAACATATTTATTATCAGGACCAGAACGAGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2941_Genome_Tile|1
CACAATGGGAACATATTTATTATCAGGACCAGAACGAGCAGTGGCATAAAGTGCCAGGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2961_Genome_Tile|1
TATCAGGACCAGAACGAGCAGTGGCATAAAGTGCCAGGTGGTGTGATCACAATGGGCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2981_Genome_Tile|1
GTGGCATAAAGTGCCAGGTGGTGTGATCACAATGGGCTGTACTATGATGAGGAAAATAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3001_Genome_Tile|1
GTGTTGATCACAATGGGCTGTACTATGATGAGGAAAATACCAATGAAAGGGTATATTTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3021_Genome_Tile|1
TACTATGATGAGGAAAATACCAATGAAAGGGTATATTTCTTTTATTTGAGCCTGAGTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3041_Genome_Tile|1
CAATGAAAGGGTATATTTCTTTTATTTGAGCCTGAGTCTCAAAAATATGGCAGTAGTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3081_Genome_Tile|1
CAAAAATATGGCAGTAGTGGACAATGGACTGTGCATTATAAAAATACTACTGTTTCTGCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3121_Genome_Tile|1
AAAATACTACTGTTTCTGCCTCTGCCACCAGCTCTTCTAGGCGGTCTCTACCCATCTCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3161_Genome_Tile|1
GCGGTCCCTACCCATCTCCACCAAAACCGATTTCGACGCCACAACCGCCGGCAACACCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3181_Genome_Tile|1
CCAAAACCGATTTGACGCCACAACCGCCGGCAACACCACGACCTCTGCCCCGCAGAGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3201_Genome_Tile|1
ACAACCGCCGGCAACACCACGACCTCTGCCCCGCAGAGAAGTCCAAGGAAGCGACTACAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3221_Genome_Tile|1

GACCTCTGCCCCGCAGAGAAGTCCAAGGAAGCGACTACAAGAGGCGGTCAGCTCAACCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3341_Genome_Tile|1
CTCCGGAGCAAAGAGAAGAAGAACAGCCACCGACGGAAACACTCTCGGAGAATCTGTCCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3521_Genome_Tile|1
TACCCCTTAAATGCTGGAGAAATAGAATGAAAAAAATAGTTCTCCAATTTAGTTTGCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3541_Genome_Tile|1
ATAGAATGAAAAAAATAGTTCTCCAATTTAGTTTGCAGCTCAGTCTGGAGATGGATAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3561_Genome_Tile|1
TCCTCCAATTTAGTTTGCAGCTCAGTCTGGAGATGGATAGATAGTACCACCCATGAAAAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3581_Genome_Tile|1
CTCAGTCTGGAGATGGATAGATAGTACCACCCATGAAAACAGCCGCATGCTTGTAGCATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3601_Genome_Tile|1
ATAGTACCACCCATGAAAACAGCCGCATGCTTGTAGCATTTCAAAATACTGCTGAAAGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3641_Genome_Tile|1
TCAAATACTGCTGAAAGAACTCGATTCTAAATTCAGTGACTTTGCCAAAGGGTACAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3661_Genome_Tile|1
CTCGATTTCTAAATTCAGTGACTTTGCCAAAGGGTACAACCTACGCATTTGGTTACCTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3681_Genome_Tile|1
ACTTTGCCAAAGGGTACAACCTACGCATTTGGTTACCTTGATTGTAATGTAATGTATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3701_Genome_Tile|1
CTACGCATTTGGTTACCTTGATTGTAATGTAATGTAATAAAACCAGAAGTAAACGTGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3721_Genome_Tile|1
ATTCATTGTAATGTAATAAAACCAGAAGTAAACGTGACACTGCTGAGAATTTGTATAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3741_Genome_Tile|1
AAACCAGAAGTAAACGTGACACTGCTGAGAATTTGTATAGACACTGTAAAGCTACTGGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3761_Genome_Tile|1
ACTGCTGAGAATTTGTATAGACACTGTAAAGCTACTGGCAACTGTCTCCAGATGTAGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3841_Genome_Tile|1
ATTAGCAGATCGATTGCTGCGCATTTTTGGTAGTGTTATATACCTGGGGGGTCTGGGTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3881_Genome_Tile|1
TACCTGGGGGGTCTGGGTCTTGGTACAGGGGAGGGCACAACAGGTATTAGACCTATAGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3921_Genome_Tile|1
CAGGTATTAGACCTATAGAAGCTCCTGTTGAAACAGTTTCGCCCAGATATAACCGTAGAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3941_Genome_Tile|1
GCTCCTGTTGAAACAGTTTCGCCCAGATATAACCGTAGAGAGACCCACAGTAAGACCAAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3961_Genome_Tile|1
CCCAGATATAACCGTAGAGAGACCCACAGTAAGACCAAGACCACAAAGACCTACCACTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3981_Genome_Tile|1
GACCCACAGTAAGACCAAGACCACAAAGACCTACCACTTTTCGGTACACCTATAGATAGAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4001_Genome_Tile|1
CCACAAAGACCTACCACTTTTCGGTACACCTATAGATAGAATTGGATCTGCTGATATCACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4021_Genome_Tile|1
CGGTACACCTATAGATAGAATTGGATCTGCTGATATCACTCCTAATGTAGTTAAGCCCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4041_Genome_Tile|1
TTGGATCTGCTGATATCACTCCTAATGTAGTTAAGCCCACAGAATCCTCTATCGTGCCCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4061_Genome_Tile|1
CCTAATGTAGTTAAGCCCACAGAATCCTCTATCGTGCCCCTAAATGAAAGTGGGATTCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4081_Genome_Tile|1
AGAATCCTCTATCGTGCCCTAAATGAAAGTGGGATTCCAGACCCTACAATTATAGATTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4101_Genome_Tile|1
TAAATGAAAGTGGGATTCCAGACCCTACAATTATAGATTCTGCAACAGGGGGTGGTGAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4121_Genome_Tile|1
GACCCTACAATTATAGATTCTGCAACAGGGGGTGGTGAGGGTCTAGGAGAATATGACATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4161_Genome_Tile|1
GTCTAGGAGAATATGACATATTGACCACTGTAGATCCAAATGAGACCCTCGGAGCTACAG

>HPV88_Gamma_167600365_nt4181_Genome_Tile|1
TTGACCACTGTAGATCCAAATGAGACCTCGGAGCTACAGGGGGGCATCCTACCACCTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4221_Genome_Tile|1
GGGGGCATCCTACCACCTTCTGGTACACTTAATAATGAAACAGCAATCTTAGACATCAGTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4241_Genome_Tile|1
GGTACACTTAATAATGAAACAGCAATCTTAGACATCAGTCCCTATGAACCTCCTCCAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4261_Genome_Tile|1
AGCAATCTTAGACATCAGTCCCTATGAACCTCCTCCAAAACGTTTTGCACTTGCCCCAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4361_Genome_Tile|1
CTACCTACAGAATCAAACATAAATGTGTTTGTAGATGCTAATATTACAGGTGAAATTGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4381_Genome_Tile|1
AAATGTGTTTGTAGATGCTAATATTACAGGTGAAATTGTTGGTGAAGAAATCCCATTAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4401_Genome_Tile|1
ATATTACAGGTGAAATTGTTGGTGAAGAAATCCCATTAGAGCCTATAAATCTATAGAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4421_Genome_Tile|1
GGTGAAGAAATCCCATTAGAGCCTATAAATCTATAGAAGAATTGAAATAGAGGCTGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4441_Genome_Tile|1
GCCTATAAATCTATAGAAGAATTCGAAATAGAGGCTGGGCGCCAGACTAGTACTCCTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4461_Genome_Tile|1
AATTCGAAATAGAGGCTGGGCGCCAGACTAGTACTCCTAGGGAAGCTGTTGAAAGATTTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4481_Genome_Tile|1
CGCCAGACTAGTACTCCTAGGGAAGCTGTTGAAAGATTTCTTGGGCGGGCCAGAAGCTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4521_Genome_Tile|1
TTGGGCGGGCCAGAAGCTTATATAATCGTTACATTCAACAAATCAGAACAGACAATGTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4561_Genome_Tile|1
AATCAGAACAGACAATGTTGACTTTTTTAACCCGGCCTTCACGCGGGTTCAATTTGAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4621_Genome_Tile|1
TGAAAATCCCGCCTTTACTGGTGATGTAAGTCTTGAATTTGCGCGGGATGTTGCTGAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4641_Genome_Tile|1
GTGATGTAAGTCTTGAATTTGCGCGGGATGTTGCTGAAATAACAGCGGCTCCTGATCCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4761_Genome_Tile|1
TGCGAGTCAGCAGATTGGGAACAAAAGGAGCGATTAGTACCAGAAGCGGTACCATAATAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4781_Genome_Tile|1
ACAAAAGGAGCGATTAGTACCAGAAGCGGTACCATAATAGGTCCCTCGTGTGCACTACTAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4801_Genome_Tile|1
CAGAAGCGGTACCATAATAGGTCCCTCGTGTGCACTACTACTTTGATCTTAGTGCAATTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4821_Genome_Tile|1
GTCCTCGTGTGCACTACTACTTTGATCTTAGTGCAATTGAACCTATAGAGCCTGATGTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4841_Genome_Tile|1
TTTGATCTTAGTGCAATTGAACCTATAGAGCCTGATGTTATTGAGCTTTCTAATTTAGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4861_Genome_Tile|1
ACCTATAGAGCCTGATGTTATTGAGCTTTCTAATTTAGGGGAGTTTAGTGGGGAAAGTAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4881_Genome_Tile|1
TTGAGCTTTCTAATTTAGGGGAGTTTAGTGGGGAAAGTACAATTGTAGATTCAATTTTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4921_Genome_Tile|1
AATTGTAGATTCAATTTTATCTGGGCATACAGTAGATCCTATAGCACCTTTTGAGTCAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4941_Genome_Tile|1
CTGGGCATACAGTAGATCCTATAGCACCTTTTGAGTCAACATTTTCTATTGCAGATCTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4961_Genome_Tile|1
ATAGCACCTTTTGAGTCAACATTTTCTATTGCAGATCTAGAAGACCCCTTTACTAGAGGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4981_Genome_Tile|1
ATTTTCTATTGCAGATCTAGAAGACCCCTTTACTAGAGGACTTTAGTAATAGTCACCTTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5001_Genome_Tile|1
AAGACCCCTTTACTAGAGGACTTTAGTAATAGTCACCTTATTTGTGCATTTTGAGGAAGAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5021_Genome_Tile|1

TTTAGTAATAGTCACTTATTTGTGCATTTTGAGGAAGAGGATGAACTTATATCTGTTTCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5061_Genome_Tile|1
ATGAACTTATATCTGTTTCCTACTCTTCCTCCTGGCGCAGCAATAAAAGCTTTTGTAGATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5101_Genome_Tile|1
AATAAAAGCTTTTGTAGATGATTATGCAGATATTATAGTTTCATATCCTGAAATGGTAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5121_Genome_Tile|1
ATTATGCAGATATTATAGTTTCATATCCTGAAATGGTAAATGTAAACAAAATTGAAATCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5141_Genome_Tile|1
TCATATCCTGAAATGGTAAATGTAAACAAAATTGAAATCCCTGCAACTACATTAGTGCCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5161_Genome_Tile|1
TGTAACAAAATTGAAATCCCTGCAACTACATTAGTGCCCTCTGAACCAGACATTAGACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5181_Genome_Tile|1
CTGCAACTACATTAGTGCCCTCTGAACCAGACATTAGACTAGATTGGTTTTCTCCAGATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5201_Genome_Tile|1
TCTGAACCAGACATTAGACTAGATTGGTTTTCTCCAGATTATGATTTGCACCCTTCTTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5281_Genome_Tile|1
CAAACGCAATATGTTTTGATGTTTTGCAGATGGCATTATGGCAACAACAACTGGGAAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5321_Genome_Tile|1
GCAACAACAACTGGGAAGCTGTTCCCTCCGCGGCTAAACCTGTGGCAAAAATATTATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5341_Genome_Tile|1
TGTTCCCTCCGCGGCTAAACCTGTGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATGTTATTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5361_Genome_Tile|1
CCTGTGGCAAAAATATTATCTACAGATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5381_Genome_Tile|1
TACAGATGATTATGTTATTGGAACCTCAGTTACATTTTCATGCTGGCACTGATCGTCTGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5421_Genome_Tile|1
GCTGGCACTGATCGTCTGTAAACAGTAGACCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5441_Genome_Tile|1
AACAGTAGACCATCCCTACTATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAATTGAGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5461_Genome_Tile|1
ATGAAATTAGGAATGATGGAGATCCCAACAAAATTGAGATTCCTAAGGTGTCTGCATGCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5521_Genome_Tile|1
AATATCGAGTGTTTAGGCTGAAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5541_Genome_Tile|1
AAATTGCCTGATCCAAATAAATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5561_Genome_Tile|1
ATTTGCCTTAATAGATCAGTCAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGGAAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5581_Genome_Tile|1
CAATTTTCAATCCTGAACGTGAACGTTTAGTTTGGAAATTAAAAGGTATTCAAATTGGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5601_Genome_Tile|1
GAACGTTTAGTTTGGAAATTAAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5621_Genome_Tile|1
AAAAGGTATTCAAATTGGTAGAGGTGGACCACTAAATGTAGGTACTGCAGGTCATCCTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5681_Genome_Tile|1
ATTTAACAAAGCTCCAGATACTGAAAATCCTAATGATTATCCACCAGCTCAAACAGATGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5741_Genome_Tile|1
AGACAGACGTAACGTGTCTATGGACCCCAACATACCCAATTATTTATAATTGGTTGCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5761_Genome_Tile|1
TGGACCCCAACATACCCAATTATTTATAATTGGTTGCATTCTCAGATGGTGAATATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5821_Genome_Tile|1
GGGATGTTGCTAAACCATGTGTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5841_Genome_Tile|1
GTTGGAGATCAGGCGAATGCAGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5861_Genome_Tile|1
AGGAGACTGTCCACCTATACAGTTAGTTAATGCTGTTATTCAGGACGGAACAATGGGTGA

>HPV88_Gamma_167600365_nt5901_Genome_Tile|1
CAGGACGGAACAATGGGTGACACAGGTTTTGGGGCAGCAAATTTTAAGAACTTTTTGCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5941_Genome_Tile|1
ATTTTAAGAACTTTTTGCAAGACAAAGCAGGTGTTCCCTCTGGATATTATTAATGATATAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6041_Genome_Tile|1
TGGCGATAAATGTTTCTTTTTTGGAAAACGTGAGCAGTCGTATGCTCGCCATTTTATGGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6081_Genome_Tile|1
TATGCTCGCCATTTTATGGCTCGTGAAAGGTAAAATGGGAGATGCCATACCAGAGGGAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6121_Genome_Tile|1
ATGCCATACCAGAGGGAAATAAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6141_Genome_Tile|1
AAATACTTATTGCCACCTACAAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6161_Genome_Tile|1
AAATGCTGTGAATTTTAAAATGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6181_Genome_Tile|1
TGGGATCTCATGTTTATTTCCCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6201_Genome_Tile|1
CCTACTGCTAGTGGATCACTTACTACTAGTGATTCTAACTTATTTAACAGACCTTATTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6341_Genome_Tile|1
TACTAATTTTACTCTTTCCATTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6361_Genome_Tile|1
TTTATAATCAGGGAGGAGCTATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6381_Genome_Tile|1
ATTGGAAATCAGTATACTTATAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6401_Genome_Tile|1
TAAATCTCAAGATTTTACTCAGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6421_Genome_Tile|1
AGTATACTCGACATGCAGAGGAATACGAATTGGAAGCTATATTCCAGCTTGTAGAGTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6481_Genome_Tile|1
CTTTGGAGCCTGATATTTTAGCTCACTTAAATGTTATGAATCCTAATATATTAGATGAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6581_Genome_Tile|1
GGACAATTATAGATATATAACATCTTTGGCAACAAGATGTCCTACTGAAAATCCTGCTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6601_Genome_Tile|1
CATCTTTGGCAACAAGATGTCCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6621_Genome_Tile|1
CCTACTGAAAATCCTGCTCCAGAAATACCTGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6641_Genome_Tile|1
AGAAATACCTGACCCTTATAAAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6661_Genome_Tile|1
AAGATTATAATTTTTGGTTAGTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6681_Genome_Tile|1
GTTGATTGCAAGAGAAGTTCTCCAGTGAACCTTGACCAATTTAGCTTAGGTGCGCAAATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6761_Genome_Tile|1
GCCCACAAAACGTGTCAGGACAGTTGCCAATAGTTCTGTTAGAAATACTTCCAGAACAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6801_Genome_Tile|1
AGAAATACTTCCAGAACAGTAAAAAGAAAACGAACACGATAATTGCATATTTAAGATAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6821_Genome_Tile|1
AAAAAGAAAACGAACACGATAATTGCATATTTAAGATAATTACATCCTGAAGCCCATAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6841_Genome_Tile|1
AATTGCATATTTAAGATAATTACATCCTGAAGCCCATAAAACTGTGAAATAATTGCTGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6861_Genome_Tile|1
TACATCCTGAAGCCCATAAAACTGTGAAATAATTGCTGTGACTCTTGATCAACTTGGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6881_Genome_Tile|1
ACTGTGAAATAATTGCTGTGACTCTTGATCAACTTGGTACCAACTTGCTGATAATACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6901_Genome_Tile|1

ACTCTTGATCAACTTGGTACCAACTTGCCTGATAATACTTGAAGGAATGTATTGATTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6921_Genome_Tile|1
CCAACCTTGCCTGATAATACTTGAAGGAATGTATTGATTAAATAAATTGCTGCTATACCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6941_Genome_Tile|1
TGAAGGAATGTATTGATTAAATAAATTGCTGCTATACCATCAGTTGAGTCATGGGGTCGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6981_Genome_Tile|1
CAGTTGAGTCATGGGGTCGTCATTTATGGTCTCCACCCGTCCACTCGACCTTATAAGTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt7001_Genome_Tile|1
CATTTATGGTCTCCACCCGTCCACTCGACCTTATAAGTGTGGTCAGCAGGCTGGACAGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt7021_Genome_Tile|1
CCACTCGACCTTATAAGTGTGGTCAGCAGGCTGGACAGGTAGTATTGTCCAGCGAAGTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt7081_Genome_Tile|1
TCCAGCTGTCAAACCATTAAGGTAAGTTGTTTGGAACATAGCCGTCTCTCGAACGGAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7121_Genome_Tile|1
AGCCGTCTCTCGAACGGAAGCGGTACAAAATGTGCCCTAAAGGCCTTTTAATAACCGTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt7141_Genome_Tile|1
CGGTACAAAATGTGCCCTAAAGGCCTTTTAATAACCGTCTCTGGTATTTTGGCGCCTTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt7161_Genome_Tile|1
AGGCCTTTTAATAACCGTCTCTGGTATTTTGGCGCCTTTTTTTTCGCGTGAAGTGAAGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt7201_Genome_Tile|1
TTTTTCGCGTGAAGTTCAGACACTCATGTATTGAGTCAGACACATGGCAGAATATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7221_Genome_Tile|1
CAGACACTCATGTATTGAGTCAGACACATGGCAGAATATGTTTTTGGCTGCCTGCCTATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7261_Genome_Tile|1
TTTTTGGCTGCCTGCCTATGTACCGGGAGTGGTGACCGGGAGTGGTGTTACAGACATTA
>HPV58_Alpha_222386_nt0081_Genome_Tile|1
GACATTTTTTGGTAGGCTACTGCAGGACTATGTTCCAGGACGCAGAGGAGAAACCACGGA
>HPV58_Alpha_222386_nt0141_Genome_Tile|1
CATTGCATGATTTGTGTCAGGCGTTGGAGACATCTGTGCATGAAATCGAATTGAAATGCG
>HPV58_Alpha_222386_nt0261_Genome_Tile|1
GAATAGTGTATAGAGATGGAAATCCATTTGCAGTATGTAAAGTGTGCTTACGATTGCTAT
>HPV58_Alpha_222386_nt0281_Genome_Tile|1
AATCCATTTGCAGTATGTAAAGTGTGCTTACGATTGCTATCTAAAATAAGTGAGTATAGA
>HPV58_Alpha_222386_nt0301_Genome_Tile|1
AGTGTGCTTACGATTGCTATCTAAAATAAGTGAGTATAGACATTATAATTATTCGCTATA
>HPV58_Alpha_222386_nt0541_Genome_Tile|1
TAGACAAACACAAGTGTAACTGTAAACCGCCATGAGAGGAAACAACCCAACGCTAAGA
>HPV58_Alpha_222386_nt1001_Genome_Tile|1
CAGACGATAGTGGTACAGATTTAATAGAGTTTATAGATGATTTCAGTACAAAAGTACTACAC
>HPV58_Alpha_222386_nt1381_Genome_Tile|1
AGTTCAGATGTAAGCAGTGAAACGGATGTAGACAGTTGTAATACTGTTCCATTACAAAAT
>HPV58_Alpha_222386_nt1401_Genome_Tile|1
AACGGATGTAGACAGTTGTAATACTGTTCCATTACAAAATATTAGTAATATTCTACATAA
>HPV58_Alpha_222386_nt3161_Genome_Tile|1
ATATATATTATTGAGGAAACAACATGTACTTTGGTAGCAGGAGAAGTTGACTATGTGGGG
>HPV58_Alpha_222386_nt3201_Genome_Tile|1
GAGAAGTTGACTATGTGGGGTTGTATTATATACATGGCAATGAAAAGACGTATTTTAAAT
>HPV58_Alpha_222386_nt3401_Genome_Tile|1
GCCACCAACAACGAAAGTACACAGGGGACAAAGCGACGACGACTCGATTTACCAGACTCC
>HPV58_Alpha_222386_nt3421_Genome_Tile|1
ACAGGGGACAAAGCGACGACGACTCGATTTACCAGACTCCAGAGACAACCCCAGTACTC
>HPV58_Alpha_222386_nt3501_Genome_Tile|1
CCGTGGACAGTAGACCACGAGGAGGAGGACTACACAGTACAAGTAACTGTACATACAAAG
>HPV58_Alpha_222386_nt3801_Genome_Tile|1
AAATAAGTACTGGTGTATTGTTCATTGTAATTGTATTGTACAATTACTGTATGTAAACCAC

>HPV58_Alpha_222386_nt3881_Genome_Tile|1
GTGTATATACAATGATATTACCTATTTTTGTTGTTTGTGTTTATACTGTTTTATGCTTGT
>HPV58_Alpha_222386_nt3901_Genome_Tile|1
CCTATTTTTGTTGTTTGTGTTTATACTGTTTTATGCTTGTGCATTTTTTTGCGGCCATTG
>HPV58_Alpha_222386_nt3921_Genome_Tile|1
TATACTGTTTTATGCTTGTGCATTTTTTTGCGGCCATTGGTGCTATCTATTTCTATATA
>HPV58_Alpha_222386_nt3941_Genome_Tile|1
GCATTTTTTTGCGGCCATTGGTGCTATCTATTTCTATATATGCTTGGTTGCTGGTGTGG
>HPV58_Alpha_222386_nt4081_Genome_Tile|1
TGTATTAATTTTCATGCACAATACTTAACCCAACAAGACTAACTGTATACTGGTTCTGCA
>HPV58_Alpha_222386_nt4101_Genome_Tile|1
ATACTTAACCCAACAAGACTAACTGTATACTGGTTCTGCACATGGTGGTATGGTATTGTA
>HPV58_Alpha_222386_nt4121_Genome_Tile|1
AACTGTATACTGGTTCTGCACATGGTGGTATGGTATTGTAAATATTTACTGTTGTGTGTG
>HPV58_Alpha_222386_nt4181_Genome_Tile|1
TTGTTTTTATTATTTTTATACATTTACTAATAAATACTTTTATATTTTTAGCACTGTCTT
>HPV58_Alpha_222386_nt4441_Genome_Tile|1
TGGCAGGACTGGATATGTGCCCCCTGGTAGTACCCACCGTCTGAGGCTATACCTTTACA
>HPV58_Alpha_222386_nt4461_Genome_Tile|1
CCCTTGGTAGTACCCACCGTCTGAGGCTATACCTTTACAGCCCATACGTCCCCCAGTTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5161_Genome_Tile|1
AAAGGCTACACTTCGTA CTGCACTGCGAGTGGAAGCAAATAGGGGCTAAAGTACATTACTACCA
>HPV58_Alpha_222386_nt5181_Genome_Tile|1
GCAGTGGAAAGCAAATAGGGGCTAAAGTACATTACTACCAAGACTTAAGTCCCATACAGC
>HPV58_Alpha_222386_nt5221_Genome_Tile|1
AGACTTAAGTCCCATACAGCCTGTCCAGGAACAGGTACAACAGCAGCAACAATTTGAATT
>HPV58_Alpha_222386_nt5241_Genome_Tile|1
CTGTCCAGGAACAGGTACAACAGCAGCAACAATTTGAATTACAATCTTTAAATACTTCTG
>HPV58_Alpha_222386_nt5261_Genome_Tile|1
CAGCAGCAACAATTTGAATTACAATCTTTAAATACTTCTGTTTCTCCCTATAGTATTAAT
>HPV58_Alpha_222386_nt5281_Genome_Tile|1
ACAATCTTTAAATACTTCTGTTTCTCCCTATAGTATTAATGATGGACTTTATGATATTTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5321_Genome_Tile|1
GATGGACTTTATGATATTTATGCTGACGATGCTGATACTATACATGATTTTCAGAGTCCT
>HPV58_Alpha_222386_nt5341_Genome_Tile|1
TGCTGACGATGCTGATACTATACATGATTTTCAGAGTCCTCTGCACTCACATACGTCCTT
>HPV58_Alpha_222386_nt5361_Genome_Tile|1
TACATGATTTTCAGAGTCCTCTGCACTCACATACGTCCTTTGCCACCACACGTACCAGTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5421_Genome_Tile|1
ATGTGTCCATACCATTAAATACTGGATTTGACACTCCTCTTGTGTCAATTGGAACCTGGTC
>HPV58_Alpha_222386_nt5441_Genome_Tile|1
ACTGGATTTGACACTCCTCTTGTGTCAATTGGAACCTGGTCCAGACATTGCATCTTCTGTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5481_Genome_Tile|1
CAGACATTGCATCTTCTGTAAACATCTATGTCTAGTCCATTTATTCCTATATCTCCACTAA
>HPV58_Alpha_222386_nt5501_Genome_Tile|1
ACATCTATGTCTAGTCCATTTATTCCTATATCTCCACTAACTCCTTTTAATACCATAATT
>HPV58_Alpha_222386_nt5521_Genome_Tile|1
TATTCCTATATCTCCACTAACTCCTTTTAATACCATAATTGTGGATGGTGTGCTGATTTTAT
>HPV58_Alpha_222386_nt5541_Genome_Tile|1
CTCCTTTTAATACCATAAATTGTGGATGGTGTGCTGATTTTATGTTGCACCCTAGCTATTTTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5801_Genome_Tile|1
AAGTCCCAATAACAATAAAAAAGTATTAGTTCCCAAGGTATCAGGCTTACAGTATAGGGT
>HPV58_Alpha_222386_nt6441_Genome_Tile|1
CTTGGCGAGGCTGTCCCGGATGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCAGTTATC
>HPV58_Alpha_222386_nt6461_Genome_Tile|1

TGACCTTTATATTAAAGGGTCCGGTAATACTGCAGTTATCCAAAGTAGTGCATTTTTTCC
>HPV58_Alpha_222386_nt7121_Genome_Tile|1
CAAAAAGGTAAAAAATAATTGTTGTGGTACTTACACTATTTTATTATACATGTTTGT
>HPV58_Alpha_222386_nt7201_Genome_Tile|1
GTTTGTATGTTTGTGTATATGTTGTATGTGTTATGTGTCATGTTTGTGTACATGTTCT
>HPV58_Alpha_222386_nt7261_Genome_Tile|1
ATGTCCTTGTCAGTTTCCTGTTTCTGTATATATGTAATAAACTATTGTGTGTATTGTAAA
>HPV58_Alpha_222386_nt7341_Genome_Tile|1
TATCTATGAGTAAGGTGCTGTCCCTAAATTGCCCTACCCTGCCCTGCCTATTATGCATAC
>HPV58_Alpha_222386_nt7361_Genome_Tile|1
TCCCTAAATTGCCCTACCCTGCCCTGCCTATTATGCATACCTATGTAATAGTATTTGTAT
>HPV58_Alpha_222386_nt7521_Genome_Tile|1
TTAAACTACAATTTAAACAATACAGTTAATCCCTTCCCTTCCTGCACTGCTTTTGCCTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0001_Genome_Tile|1
ATGAGAGGACAAAAGGCAACTATTGGAGATGTAAAGTTAGAACTTAGCCCTTTAGTGCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0021_Genome_Tile|1
TATTGGAGATGTAAAGTTAGAACTTAGCCCTTTAGTGCTACCTGCAAACTTATTATGTGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0041_Genome_Tile|1
AACTTAGCCCTTTAGTGCTACCTGCAAACTTATTATGTGATGAATTAGTAACCGAGGAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0101_Genome_Tile|1
AGGAGCAGCAGGACGAGCAAGCTTTAAGCCCTTATAGAATTGTGACAGATTGTGGGCAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0121_Genome_Tile|1
GCTTTAAGCCCTTATAGAATTGTGACAGATTGTGGGCAGTGTACAAAAACCTTAGCATTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0161_Genome_Tile|1
GTCACAAAAACCTTAGCATTAACATGTACTAGCTACGGACGGGGCAATAAGGTCTGTGGAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0301_Genome_Tile|1
TACATCCCTCACATTTGTGACTATAATGCAATAGACTTTATTGACGCAGAAGCGGCATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0321_Genome_Tile|1
ACTATAATGCAATAGACTTTATTGACGCAGAAGCGGCATGTGAGGAGTTAGACCCTTTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0341_Genome_Tile|1
ATTGACGCAGAAGCGGCATGTGAGGAGTTAGACCCTTTGGAAGCCGTATTGGAAGAAAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0401_Genome_Tile|1
GATGGGACAGATATTTTCAGACCTAATAGACAATACGGAGGAGCCAGATGAGGGAAATTCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0421_Genome_Tile|1
CCTAATAGACAATACGGAGGAGCCAGATGAGGGAAATTCCCTAGCATTGTTAAATAAGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0441_Genome_Tile|1
AGCCAGATGAGGGAAATTCCTAGCATTGTTAAATAAGCAGCAGCTAGAGGACGACACGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0461_Genome_Tile|1
CTAGCATTGTTAAATAAGCAGCAGCTAGAGGACGACACGCAGCAGCTTAAGATTCTAAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0521_Genome_Tile|1
CGAAAGTACTTTAGTCCTAGCCCAAAGCAACAAGCAGTAATAGATTTGAGCCCAAGACTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0541_Genome_Tile|1
CCCAAAGCAACAAGCAGTAATAGATTTGAGCCCAAGACTGCAACAGTTGCGTGTATCGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0581_Genome_Tile|1
CAACAGTTGCGTGTATCGTCCCAAGGATCCAGTAAAAGACGGCTGGTATTTGAGGACAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0721_Genome_Tile|1
GGAGCCCCGAAACCAATGAAGACGTCAGCACAGATGTAGAGACTAGATCTGGGGGGCCATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0741_Genome_Tile|1
ACGTCAGCACAGATGTAGAGACTAGATCTGGGGGGCCATGTGGCGGCACAACAACAGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0801_Genome_Tile|1
ACAATAATAGTAACAACAATTGTATAGACCTATTGCATAGTAGTAATAGAGAAGCCACTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0821_Genome_Tile|1
TGTATAGACCTATTGCATAGTAGTAATAGAGAAGCCACTGCATATGCAAAATTTAAAGCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0861_Genome_Tile|1
CATATGCAAAATTTAAAGCCACATTTGATGTGGGATATAAGGAATTAACAAGACCATTCA

>HPV101_Unclassified_109390389_nt0881_Genome_Tile|1
ACATTTGATGTGGGATATAAGGAATTAACAAGACCATTTCATAAGTAATAAAAGCTGTTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0921_Genome_Tile|1
TAAGTAATAAAAGCTGTTGCTGCAGTTGGATAGCGGGGATATTTGGGGTGGTAGCAGAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1001_Genome_Tile|1
TTACTGCAACCACATTGTGAATACCTGCAAATTATAAATCCAAGCATGGGGACGGGCGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1041_Genome_Tile|1
CAAGCATGGGGACGGGCGTTACAGTAATGATGTTGTTTCAGTTTTATGCTGCAAAATGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1061_Genome_Tile|1
ACAGTAATGATGTTGTTTCAGTTTTATGCTGCAAAATGTCGGGATACTGTAATAAATTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1101_Genome_Tile|1
GGGATACTGTAATAAATTTATTGTGTAATGTATTGCATGTACGGGAATGGCAAATTATAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1121_Genome_Tile|1
TTGTGTAATGTATTGCATGTACGGGAATGGCAAATTATAACTAATCCACCAAAGCATAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1141_Genome_Tile|1
ACGGGAATGGCAAATTATAACTAATCCACCAAAGCATAGGAGTGTGCTGTAGCATTATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1181_Genome_Tile|1
AGTGTGCTGTAGCATTATACTTTTATAAAACAAGTATGTCTAATGTTAGCTATTGTTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1201_Genome_Tile|1
CTTTTATAAAACAAGTATGTCTAATGTTAGCTATTGTTATGGAGCAATGCCAGAGTGGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1261_Genome_Tile|1
TAAAAAACAAACATTGGTTAATCATCAACAGGAGTCAGACAACCTTTGAATTTGCAACTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1341_Genome_Tile|1
ATAATATTAGAGATGAGGCAGAAGTTGCTTATGGATATGCAAGCCTTGCAGACGACGATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1421_Genome_Tile|1
AAATGTAATAATCAATTCAAATATGTAAAAGACTGTGTACAAATGGTTGCAATGTATAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1521_Genome_Tile|1
TGAAATGTGGAGAACGTGTAACAGAAGAAGGCAATTGGAAAAATATTATTAATTTTTTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1581_Genome_Tile|1
AATATCAGGAAATATCTATAGTGGCATTTTTAACAACATTAAGATACTTCCTACAAGGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1601_Genome_Tile|1
GTGGCATTTTTAACAACATTAAGATACTTCCTACAAGGAAGGCCAAAAAAAAAACTGTTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1681_Genome_Tile|1
TACGGGCAAATCAATGTTTTGCTATAGCTTAATAAAATATACCCAAGGTAAGGTGGTATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1701_Genome_Tile|1
GCTATAGCTTAATAAAATATACCCAAGGTAAGGTGGTATCGTTTGTAATAGCAGAAGCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1881_Genome_Tile|1
TAGATGTAAAGCATAAGGCACCAATACAATTAAACTACCGCCATTACTTCTAACCTCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1921_Genome_Tile|1
GCCATTACTTCTAACCTCTAACATTGAAGTACATGCAGAAGCCCCATTAAAATATTTACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1941_Genome_Tile|1
ACATTGAAGTACATGCAGAAGCCCCATTAAAATATTTACATAGCAGAATTCAAGAATACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1961_Genome_Tile|1
GCCCCATTAAAATATTTACATAGCAGAATTCAAGAATACAAATTTCCAAATAAATTGCGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1981_Genome_Tile|1
TAGCAGAATTCAAGAATACAAATTTCCAAATAAATTGCGTTTAGATGCAAAATGGAAATCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2001_Genome_Tile|1
AATTTCCAAATAAATTGCGTTTAGATGCAAAATGGAAATCCAATAATAACAATTACTGATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2061_Genome_Tile|1
CAGATTGGAAATCTTTTTTTTAGTAACTGTGGAAGCAATTAGACCTGGGCGATCCAGACG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2081_Genome_Tile|1
AGTAAACTGTGGAAGCAATTAGACCTGGGCGATCCAGACGACAGCTCAGATGGAGACCCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2161_Genome_Tile|1
TGCAAGACAGGCTACTGGGGATTTATGAAGCAGGCCGACAGACATAGATGGACAAATAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2181_Genome_Tile|1

ATTTATGAAGCAGGCCGCACAGACATAGATGGACAAATAGTACATTGGGACCTTGTAAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2201_Genome_Tile|1
AGACATAGATGGACAAATAGTACATTGGGACCTTGTAAGGCAGGAATATGTATTACTGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2221_Genome_Tile|1
TACATTGGGACCTTGTAAGGCAGGAATATGTATTACTGCACTATGCCAGAAAAACGGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2241_Genome_Tile|1
CAGGAATATGTATTACTGCACTATGCCAGAAAAACGGTATTAGCAATTTGGGCATACAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2261_Genome_Tile|1
CTATGCCAGAAAAACGGTATTAGCAATTTGGGCATACAAAAAGTACCGTCATTGGCCAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2341_Genome_Tile|1
AGGCTATATTAATGGGCATAGTGCTAAAAAGTCTAAAGAACTCTGCATTTGGAAATGAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2361_Genome_Tile|1
GTGCTAAAAAGTCTAAAGAACTCTGCATTTGGAAATGAACAATGGACATTGACAGATACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2421_Genome_Tile|1
AGCTATGAACTGTTTATGACACCTCCATCGCATACATTTAAAAACAAGGAAAAACCATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2441_Genome_Tile|1
ACCTCCATCGCATACATTTAAAAACAAGGAAAAACCATAGAGGTGTGGTATGGAAATAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2461_Genome_Tile|1
AAAAACAAGGAAAAACCATAGAGGTGTGGTATGGAAATAATGAGGACAATGCAGTGCCAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2541_Genome_Tile|1
TATTACCAAGACGCACAGGACAATTGGTACAAGGCCCGTGGACAGGTATCTGCAGACGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2561_Genome_Tile|1
CAATTGGTACAAGGCCCGTGGACAGGTATCTGCAGACGGCCTGTACTATATAGACTGGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2581_Genome_Tile|1
GACAGGTATCTGCAGACGGCCTGTACTATATAGACTGGGAAGGAAATAAACATTTCTATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2601_Genome_Tile|1
CTGTACTATATAGACTGGGAAGGAAATAAACATTTCTATGTGCGGTTTGCAGATGAGGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2641_Genome_Tile|1
TGCGGTTTGCAGATGAGGCAACACAATTTGATGCAGCAAATGAATGGCAAGTACGAACTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2661_Genome_Tile|1
ACACAATTTGATGCAGCAAATGAATGGCAAGTACGAACTGAAAGTGAAATAATATCTAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2741_Genome_Tile|1
ACGGAGCGACCCGAGGCCTACTGGATCTTCTGCCATCACCTATGAAACTTCCAGACACGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2761_Genome_Tile|1
CTGGATCTTCTGCCATCACCTATGAAACTTCCAGACACGACACGAGGAGGACTAGGAGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2801_Genome_Tile|1
CACGAGGAGGACTAGGAGATCTACTAAAAGACCCCGACCGTCCCCAGCCCATCCGCGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2861_Genome_Tile|1
ATCGGCGACCGAAAGCGATACCCCTGGGCACCATACCAGAAGCCGACGAATCCAACAAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2881_Genome_Tile|1
CCCCTGGGCACCATACCAGAAGCCGACGAATCCAACAAAGAAAAACATAAATCCCAACGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2901_Genome_Tile|1
AGCCGACGAATCCAACAAAGAAAAACATAAATCCCAACGACCCAGGTGGGGATCCGAGTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2921_Genome_Tile|1
AAAACATAAATCCCAACGACCCAGGTGGGGATCCGAGTCTCCTATCCAGTCTCCTTCATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2961_Genome_Tile|1
CCTATCCAGTCTCCTTCATCAGTGGGGCAAGGACATCGACTGCCTAATAGACACTATCGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3041_Genome_Tile|1
AGACGAGGCTAGGGATCCGCCAGTAATACTTATTAAAGGGCCTGCAAATACTACCAAATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3101_Genome_Tile|1
TTGGAGGTATAGAATGAAACAAAATTATAGGGCGCTATTTGAAAGTATAAGCACTGCATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3121_Genome_Tile|1
AAAATTATAGGGCGCTATTTGAAAGTATAAGCACTGCATTTTCATGGGTAGGTGATAGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3161_Genome_Tile|1
TTCATGGGTAGGTGATAGGGGCTCAGATAGGGTAGGGTGTAGTAGGGTATTAGTAGCATT

>HPV101_Unclassified_109390389_nt3221_Genome_Tile|1
TAGAAATAATAGCCAACGGGAAAGGTTTTTACATACTGTGAAGTTACCAAAGGGTACACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3241_Genome_Tile|1
AAAGGTTTTTACATACTGTGAAGTTACCAAAGGGTACACAGTTTTTCATTTGGAAACCTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3261_Genome_Tile|1
AAGTTACCAAAGGGTACACAGTTTTTCATTTGGAAACCTGGAATCCCTGTAACCACACATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3281_Genome_Tile|1
GTTTTTCATTTGGAAACCTGGAATCCCTGTAACCACACATGCCAGTAATGCTGCCTATTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3341_Genome_Tile|1
TAAATAGCATCACATCTGCCTCTTGTGATTTTGTGTACCTTGTATATTATACTTCTTTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3401_Genome_Tile|1
TACTGCTTTGCTACACTTGTATAATCAATGGAGCCTCCACATGCACGTAGGCGAAAGCGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3421_Genome_Tile|1
ATAATCAATGGAGCCTCCACATGCACGTAGGCGAAAGCGTGACACAGTTGAAAATATATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3461_Genome_Tile|1
GACACAGTTGAAAATATATACAGGCATTGTGCCCTGTCTGGTACATGCCCTGATGATGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3521_Genome_Tile|1
AAAAATAAAGTGGAAATAATACCATTGCAGATAGGATATTAAAATGGATTGCAAGTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3681_Genome_Tile|1
GTACTGTACTACGTCCTGGGGTTGTTTTGGATCCTGTAGGACCATCTGATATTGTACCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3701_Genome_Tile|1
GTTGTTTTGGATCCTGTAGGACCATCTGATATTGTACCCATTGATCCTATATCACCTACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3721_Genome_Tile|1
ACCATCTGATATTGTACCCATTGATCCTATATCACCTACTGCATCCTCTATTGTTTCCTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3741_Genome_Tile|1
TTGATCCTATATCACCTACTGCATCCTCTATTGTTTCCTTTGGAGACTGTACCTGAAACAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3761_Genome_Tile|1
GCATCCTCTATTGTTTCCTTTGGAGACTGTACCTGAAACACAAATACCTGATGTTTCCTGTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3821_Genome_Tile|1
CGACCCCTGTTGGAGGTGAATTGGAGGTTACCGTTGGTACTGACCCTGTATCAGATATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3861_Genome_Tile|1
CTGACCCTGTATCAGATATTACTATAGAGGCCACCTCGCCTGCTATTACACCCATAGACC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3901_Genome_Tile|1
TGCTATTACACCCATAGACCCCAAGTGCCGTTATTGAGGCACAACCTCCTACATCTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3921_Genome_Tile|1
CCACAAGTGCCGTTATTGAGGCACAACCTCCTACATCTACTCCTAAGCGTGTTTCAGTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3941_Genome_Tile|1
GCACAACCTCCTACATCTACTCCTAAGCGTGTTTCAGTAACAAGCACACGGCATGTTAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3961_Genome_Tile|1
TCCTAAGCGTGTTTCAGTAACAAGCACACGGCATGTTAATCCTTCTTACATATCGGTATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4041_Genome_Tile|1
TAACACAGGCTGGTGCTGAGGTGTTTGTAGGGGCAGCTGTTGGTGAGGGACGGGTATTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4061_Genome_Tile|1
GTGTTTGTAGGGGCAGCTGTTGGTGAGGGACGGGTTATTAGTATAGGTGAATCTATACCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4161_Genome_Tile|1
CTATTGAGGAGGCTGTTACGCCCCACGGACCAGTACCCCTCGTGTATTCAAAGGGCCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4181_Genome_Tile|1
CCCCACGGACCAGTACCCCTCGTGTATTTCAAAGGGCCTTTCAACGTGCACGGGACCTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4201_Genome_Tile|1
TCGTGTATTTCAAAGGGCCTTTCAACGTGCACGGGACCTTTATAACAGACGTGTACAACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4221_Genome_Tile|1
TTCAACGTGCACGGGACCTTTATAACAGACGTGTACAACAAGTACAAACACACAATATGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4461_Genome_Tile|1
TGCGTCTTAGTCGCCTAGGTCGCCGGGGCACTATTGTAACACGCAGTGGATTACAAATAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4501_Genome_Tile|1

ACGCAGTGGATTACAAATAGGATCCAATGTGCATTTTTATTATGATTTTCAGCTCTATAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4521_Genome_Tile|1
GATCCAATGTGCATTTTTATTATGATTTTCAGCTCTATAGATGCTGGCTCAGTTGAATTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4581_Genome_Tile|1
AACCACCTGGTCAGCAATCTGGGGTGGCCTCTATTGTTGATGGCTTAGCATCTGCTAACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4621_Genome_Tile|1
TGGCTTAGCATCTGCTAACATTAATGGCAGTGCTGAAACATCTTTTATAGAAGGTCATAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4641_Genome_Tile|1
TTAATGGCAGTGCTGAAACATCTTTTATAGAAGGTCATACACTTGTTGGCCCTACGGGTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4661_Genome_Tile|1
TCTTTTATAGAAGGTCATACACTTGTTGGCCCTACGGGTGAGGCTGACTTGTATGACACG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4681_Genome_Tile|1
ACTTGTGGCCCTACGGGTGAGGCTGACTTGTATGACACGTACTCAGAAGAGTTTGGAAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4701_Genome_Tile|1
AGGCTGACTTGTATGACACGTACTCAGAAGAGTTTGGAAAGTTCTCGATTGTTACTTACAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4741_Genome_Tile|1
TTCTCGATTGTTACTTACACCTCAGGCAGTTCCTGCTGTTTCAGGTCCCTCCTTTGGTTCCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4781_Genome_Tile|1
CAGGTCCCTCCTTTGGTTTCGTGTCCTGACACTTCCTCCAGGCACAGCCCTACAAATCTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4801_Genome_Tile|1
TGTCTGACACTTCCTCCAGGCACAGCCCTACAAATCTTACTCTCAGATGTAGGGGTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4821_Genome_Tile|1
GCACAGCCCTACAAATCTTACTCTCAGATGTAGGGGTCTTGTACCTTTTTCTGTGCCTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4841_Genome_Tile|1
CTCTCAGATGTAGGGGTCTTGTACCTTTTTCTGTGCCTTCTGTACATCCTGTTATTCCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4901_Genome_Tile|1
GGCACTGTGTTTCCAGATGTGTCTGAACCTCCTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4921_Genome_Tile|1
GTCTGAACCTCCTATTGTTGTGGATGGTTTTGATGCATTTGATACATTTTATTTGCATCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5041_Genome_Tile|1
GTTTGTGGCTACCTCAGACTGGTAAATATACCTACCTCCAGCTCCTCCTGTGTCTAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5081_Genome_Tile|1
AGCTCCTCCTGTGTCTAGGAGTCTTACCACCGATGAATATGTTGTGGAAACATCTGTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5161_Genome_Tile|1
GTCTAGTAACTGTGGGTACCCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5181_Genome_Tile|1
CCCTATTTTCCCGTTATAAAACCAGGCAATCACACCGTTGAGGTTCTTAAGGTTTCTGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5221_Genome_Tile|1
AGGTTCTTAAGGTTTCTGGCAACCAGTTTAGGGCTTTTCGCCTACGTCTCCAGATCCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5301_Genome_Tile|1
AAACAATTGTATAATGTTGAATCGGAGCGCCTCGTGTGGCGTCTTAGAGGAATTGATATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5421_Genome_Tile|1
GATACTGAAAATCCTAATGGATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACGCTAGACAAAATGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5441_Genome_Tile|1
ATATCAAAAGGGTGGTGCTAAGGACGCTAGACAAAATGTTTCTATGGATCCTAAACAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5561_Genome_Tile|1
ATGTGACAAAATCCTCCTAAAGGCACCTGTCCTCCTTTACAGTTGGTGTCTCTGTTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5661_Genome_Tile|1
AATTTTGCTGCCTTGACAGGCTGATCACTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGATACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5681_Genome_Tile|1
TGATCACTCAGGGGTACCCCTAGATATTGTTGCAGATACTTGTAATGGCCAGACTTTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5741_Genome_Tile|1
TGGTATGGCCAATGATAGTTTTGGGGATGGTATGTTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5761_Genome_Tile|1
TTGGGGATGGTATGTTTTTCTTTGGCCGCCGCGAGCAGGTGATGCACGTCATTATTTCA

>HPV101_Unclassified_109390389_nt5861_Genome_Tile|1
GTTTGAGGGTAATGGTAAAAAGTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5881_Genome_Tile|1
AGTATTTTATTGGTGCTGAGCAAGGCCAGGACCAGCATCAGCTGGCTCCCTCTTTATATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5981_Genome_Tile|1
GTTATTTTAGTAGGCCCTACTGGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6001_Genome_Tile|1
GGATTGAACGGGCTCAGGGTGCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6021_Genome_Tile|1
GCTAATAATGCTGTATTATGGAATAATAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6041_Genome_Tile|1
GAATAATAATGTATTTGTTACTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6061_Genome_Tile|1
CTTTGGTTGATAATACCCACAATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6081_Genome_Tile|1
AATGTGAATTTTACTATTAATGTTGCTACAGAAGATAATATTTCAGTCCTATGATTCTGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6101_Genome_Tile|1
TGTTGCTACAGAAGATAATATTTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6121_Genome_Tile|1
TTCAGTCCTATGATTCTGCAAAGTACAAGCACTACCTCAGACATGTGGAGGAATTTGAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6161_Genome_Tile|1
ACATGTGGAGGAATTTGAAATTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGCTCTTACTCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6181_Genome_Tile|1
TTTCTCTCATTGTGCAGCTCTGTAAAGTGCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6201_Genome_Tile|1
TGTAAGTGCTCTTACTCCCGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTCTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6221_Genome_Tile|1
CGATGTATTGGCACACATACACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6241_Genome_Tile|1
ACTTAATGAATCCCTCTATTCTGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6261_Genome_Tile|1
CTGGATGAATGGCAATTAGGTATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAAACCACTTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6281_Genome_Tile|1
TATTGCGGCTCCACCGTCTACCTCTATTGAAACCACTTACAGATATATTGATTCTCTTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6341_Genome_Tile|1
TACAATGTGTCCACAGCAGAGCCTCCTAAGGAAAAGGAAGATCCATATGACAAAATGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6401_Genome_Tile|1
TTTTTGGGTGGTTGATTTATCAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCTATCCTCTTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6421_Genome_Tile|1
CAGACAGAATGTCCTCTGAATTAGGGGCTATCCTCTTGGTAGGCGCTTTTTACATCAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6441_Genome_Tile|1
TTAGGGGCTATCCTCTTGGTAGGCGCTTTTTACATCAAACAGGGTCTGCCCGGCCTGCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6521_Genome_Tile|1
TCCTTCTACGCCTACCAGGCCTACCTCCAGGTCTTCCAAACGCCGACGCAGGCAAGTTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6581_Genome_Tile|1
AACATTATATGTATTTTACAACATTCCCTACCTCTGTACATTTTACATTCTATACTCTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6641_Genome_Tile|1
TAATAAATAAAGTATGTAGCATGTCAACATTGTCGTTGTATGAGTTATTTCTTCTGACTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6681_Genome_Tile|1
TGAGTTATTTCTTCTGACTCAGGGCAGTATTTTGGCCACACCTGGGCTTTTAGTATTTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6821_Genome_Tile|1
TGGTACATTTGCTGCCAATTTTGGCAGCAGGTATGTTTCATGTTTTAACAAATGTATTACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6841_Genome_Tile|1
TTGCCAGCAGGTATGTTTCATGTTTTAACAAATGTATTACTCATGTGTTTTGCAACGTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6861_Genome_Tile|1

GTTTTAACAAATGTATTACTCATGTGTTTTGCAACGTTTTAGGTACTGGCTACATTCCAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6901_Genome_Tile|1
AGGTACTGGCTACATTCCACAACCGGGAGCGGTGCTTTTACAGTGCTTTTCTCTTATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7001_Genome_Tile|1
CGGGAGTGGTGTGGGCAGTGTCTATATATACAGCGGGGGCCTATACAACGGTCCTTTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7041_Genome_Tile|1
CCTATACAACGGTCCTTTTGGCGACCGCTGTGTGCATGTACTGGGAGGTAGACTGGGGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7081_Genome_Tile|1
CTGGGAGGTAGACTGGGGACTGTGTAATGTTATGAATATTGTACCTATATTACTGCTTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7101_Genome_Tile|1
TGTGTAATGTTATGAATATTGTACCTATATTACTGCTTATGTGGCAATTGTATATTTGTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7161_Genome_Tile|1
TTGTGTTTTTAATTACTGTGCTTAGCCTTATTAAGATATTTTTATTGTTGGGAATACGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7181_Genome_Tile|1
CTTAGCCTTATTAAGATATTTTTATTGTTGGGAATACGGGTATAGGGACACGGCCAGTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0001_Genome_Tile|1
ATGAGGGGAAAGAAACCAACAATTAAAGATATTAACCTAGAACTACATAGTTTAGTATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0021_Genome_Tile|1
AATTAAAGATATTAACCTTAGAACTACATAGTTTAGTATTACCACAAAATTTACTCTGTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0041_Genome_Tile|1
AACTACATAGTTTAGTATTACCACAAAATTTACTCTGTGGTGAAGAACTTGTGGAGGAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0141_Genome_Tile|1
GGTGGTGACAGATTGCAAGTATTGTGAGAAGTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0161_Genome_Tile|1
ATTGTGAGAAGTCATTGTGTATGTATGTGGTAGCCACGGAGGAGGGCATTAGAAACTTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0301_Genome_Tile|1
TAAAGGTACATCTTGCTTTACTGACATTACAGCAAATGCTTGTGAGTTTATAGAAACAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0341_Genome_Tile|1
TGTGAGTTTATAGAAACAGAAGCGACCTGTGAGGATGGTTTAGATTTCATTGGAAGCATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0401_Genome_Tile|1
TTTGAAGAGAGCGATGGGACAGATATTCAGAACTAATAGAAAATATTGATGAACCTGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0421_Genome_Tile|1
AGATATTTTCAGAACTAATAGAAAATATTGATGAACCTGATAGGGGGAATCCCCAAGCACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0461_Genome_Tile|1
AGGGGGAATCCCCAAGCACTGTTAAATAGGCAACAGCTAGAAGAAGACAGTCAGCTACTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0541_Genome_Tile|1
TGTTAGTCCTAGCCCGAAGCAGCGGGTAATAGATTTAAGCCACGACTTGAAGCGCTGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0561_Genome_Tile|1
AGCGGGTAATAGATTTAAGCCCACGACTTGAAGCGCTGTGTGTGTCGCCACGAGGATCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0581_Genome_Tile|1
CCACGACTTGAAGCGCTGTGTGTGTCGCCACGAGGATCCAGCAGTAAAAAGACGACTATTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0701_Genome_Tile|1
TCGGAGGCATTGACTAATTCAGGGACATTGACTAATGGGGATGAAAATGCTGTATGTGCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0721_Genome_Tile|1
AGGGACATTGACTAATGGGGATGAAAATGCTGTATGTGCAACGCAGGATGGCGACACACG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0741_Genome_Tile|1
ATGAAAATGCTGTATGTGCAACGCAGGATGGCGACACACGGTGCTTGGATATTTTACACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0861_Genome_Tile|1
AGGAAATAACCAGGCCATTTCAAAGTAATAAGTCATGTTGTCATAGCTGGGTAGCAGCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0881_Genome_Tile|1
CAAAGTAATAAGTCATGTTGTCATAGCTGGGTAGCAGCAATATTTGGTGTGTAGCAGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0901_Genome_Tile|1
TCATAGCTGGGTAGCAGCAATATTTGGTGTGTAGCAGAAATGTTGGAAGCGGCTAAGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0921_Genome_Tile|1
TATTTGGTGTGTAGCAGAAATGTTGGAAGCGGCTAAGACGCTATTTAAAGTGCATTGTG

>HPV103_Unclassified_109390382_nt0941_Genome_Tile|1
ATGTTGGAAGCGGCTAAGACGCTATTTAAAGTGCATTGTGATTATTTACAAATTATTAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0961_Genome_Tile|1
GCTATTTAAAGTGCATTGTGATTATTTACAAATTATTAATCCTAGTATGGGTACAGGAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0981_Genome_Tile|1
ATTATTTACAAATTATTAATCCTAGTATGGGTACAGGAGTTACTGTATTATGCTTGTGTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1001_Genome_Tile|1
CCTAGTATGGGTACAGGAGTTACTGTATTATGCTTGTGTTGAGTTTTCAAGTTCTAAATGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1021_Genome_Tile|1
TACTGTATTATGCTTGTGTTGAGTTTTCAAGTTCTAAATGTAGAGATACTGTACAAAACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1041_Genome_Tile|1
AGTTTTCAAGTTCTAAATGTAGAGATACTGTACAAAACTGATTAGCAATGTGCTAAACG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1061_Genome_Tile|1
AGAGATACTGTACAAAACTGATTAGCAATGTGCTAAACGTGCAGGAACATCAAATAATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1101_Genome_Tile|1
TGCAGGAACATCAAATAATAACAGATCCTCCGCGACATAGAAGTGTACCAGTAGCATTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1141_Genome_Tile|1
AAGTGTACCAGTAGCATTGTTTTTTTATAAACAAAGCATGTCTAATACAAGTTTTGTACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1221_Genome_Tile|1
TTAAAAGACAAACTATGCTAAACCACCAGCAGGAGGCAGACTCATTTGAAGTGTCTCATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1341_Genome_Tile|1
CATGTTTAGCAGATGTGGAACCAAATGCAGCAGCATGGCTAAAAAGCAACCAGCAATATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1381_Genome_Tile|1
AAAAAGCAACCAGCAATATAAGTATGTGTCAGATTGTGCAAAAATGGTTAGAATGTACAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1401_Genome_Tile|1
AGTATGTGTCAGATTGTGCAAAAATGGTTAGAATGTACAAAAAGTATGAAATGCAACAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1441_Genome_Tile|1
AAAGTATGAAATGCAACAAATGAGTATGGCAGTGGATAAAAAAATGTGGAGAGCATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1481_Genome_Tile|1
AAAAAATGTGGAGAGCATATAGAAACAGACGGAGACTGGAAAAAATTATAAACCTATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1521_Genome_Tile|1
AAAAAATTATAAACCTATTAATAATATCAGGAAATATCAGTAATAGCATTTTTTAACAAGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1541_Genome_Tile|1
AAATATCAGGAAATATCAGTAATAGCATTTTTTAACAAGTTTTTAGAATGTTTTTAAAGGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1581_Genome_Tile|1
TTAGAATGTTTTTAAAGGGACAACCAAGAAAAACTGTATAGCACTATGGGGACCTCCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1761_Genome_Tile|1
TTATAGACGATGCTACATTTCCATGTTTCCAATTTATGGATGTGTATATGAGAAGTGCTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1781_Genome_Tile|1
CCATGTTTCCAATTTATGGATGTGTATATGAGAAGTGCTTTAGATGGAAACGAGGTGTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1821_Genome_Tile|1
TAGATGGAAACGAGGTGTCTGTGGATTGTAAGCATAGGTTACCAGTGCAAAATTAAATTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1881_Genome_Tile|1
CTCCATTACTTGTTACCTCCAACATAGATATGCATTCCGAGGCCTCTTTAAAATACCTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1901_Genome_Tile|1
AACATAGATATGCATTCCGAGGCCTCTTTAAAATACCTGCAGAGTAGAATTACAAGTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1921_Genome_Tile|1
GGCCTCTTTAAAATACCTGCAGAGTAGAATTACAAGTTTTAAGTTTCCACATAAACTTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2041_Genome_Tile|1
TAGCAAGCTGGAGCAGCAGTTAGACCTTTGTGACCCAGAAGACAGTACAAATGGAGACCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2121_Genome_Tile|1
GTCCAAGAGAACTACTGGGGCTTTATGAGGCCGACGCTCAGACCTGGAATCCCAAATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2141_Genome_Tile|1
GCTTTATGAGGCCGACGCTCAGACCTGGAATCCCAAATACAACACTGGGATCTTGTAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2161_Genome_Tile|1

CAGACCTGGAATCCCAAATACAACACTGGGATCTTGTAAAGGCAGGAGCATGTACTGCTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2221_Genome_Tile|1
ACTATGCCAGAAGGCAGGGCATACAAACATTGGGCCTACAAAAAGTGCCCCCATTGGCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2261_Genome_Tile|1
AAAAGTGCCCCCATTGGCAGCATCTGAAAGCAAAGCCAAAAGCTATTATGATGCAGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2321_Genome_Tile|1
GGTGCTGAAAAGCCTAAAGAAATCCCAATATGGGCAGGAACCATGGACATTAACAGATAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2341_Genome_Tile|1
AATCCCAATATGGGCAGGAACCATGGACATTAACAGATACAAGCCATGAACTATTTACCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2421_Genome_Tile|1
AAAAAAGGAGGTGTAAGTGTGGAAGTGTATTTGACAACGAGGAAGAAAAAGCTATGCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2441_Genome_Tile|1
GGAAGTGTATTTGACAACGAGGAAGAAAAAGCTATGCCATATACACTATGGAGACTAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2481_Genome_Tile|1
TATACACTATGGAGACTAATATATTATCAAGATGCAGATGAGCTGTGGCATAAAACACAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2521_Genome_Tile|1
AGCTGTGGCATAAAACACATGGACAGGTAGACGCGGATGGCCTGTACTTTATAGACATGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2541_Genome_Tile|1
GGACAGGTAGACGCGGATGGCCTGTACTTTATAGACATGGTAAAGCAAAAACACTATTAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2561_Genome_Tile|1
CCTGTACTTTATAGACATGGTAAAGCAAAAACACTATTATGTGCATTTTACCAAGGAAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2581_Genome_Tile|1
TAAAGCAAAAACACTATTATGTGCATTTTACCAAGGAAGCAGTAAAATATGGACAAAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2601_Genome_Tile|1
GTGCATTTTACCAAGGAAGCAGTAAAATATGGACAAAAAGGGATGTGGCAAGTGAGGACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2621_Genome_Tile|1
AGTAAAATATGGACAAAAAGGGATGTGGCAAGTGAGGACTGGAAGTATGTATTATTTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2701_Genome_Tile|1
CTTCGACGGGGCCGAGCAAGGTGACACCACCGCACAAAGTCACCCGAAGCGCCAGAAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2721_Genome_Tile|1
GGTGACACCACCGCACAAAGTCACCCGAAGCGCCAGAAAAGGCAAACGACGAAGACATTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2761_Genome_Tile|1
GCAAACGACGAAGACATTCCAGAAGGCAAACCCCTCGACCACCTCGACGACCACAGAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2781_Genome_Tile|1
AGAAGGCAAACCCCTCGACCACCTCGACGACCACAGAGACCGACTCAGAGGATTCCGGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2921_Genome_Tile|1
TACTGACACTGCTGCAGCAGTGGGATCGCGACATCGAAGCCCTGATAGAACTATCCGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2941_Genome_Tile|1
TGGGATCGCGACATCGAAGCCCTGATAGAACTATCCGTCAGACTTGCAAGGCTACAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3021_Genome_Tile|1
ATATTATTAGTTAAAGGGCCTTCAAATACATTGAAATGTTGGAGGTACAGGTGTAGAATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3041_Genome_Tile|1
TTCAAATACATTGAAATGTTGGAGGTACAGGTGTAGAATAAAATATAGAGGCTTATTTCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3061_Genome_Tile|1
GGAGGTACAGGTGTAGAATAAAATATAGAGGCTTATTTCAAGTGTATTAGCACAGCTTTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3081_Genome_Tile|1
AAATATAGAGGCTTATTTCAAGTGTATTAGCACAGCTTTTACATGGGTGGCGGATGCGGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3101_Genome_Tile|1
GTGTATTAGCACAGCTTTTACATGGGTGGCGGATGCGGGTCCACAATTAGGAAATGCTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3141_Genome_Tile|1
CCACAATTAGGAAATGCTAGAATAATAGTAGGATTTACTAATACATCACAAAGGAAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3201_Genome_Tile|1
TTTATACAAACTGTGAAATTACCTAAAGGCACAAGTAGTGCATTAGGAAACCTTGATTCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3241_Genome_Tile|1
CATTAGGAAACCTTGATTCATTTTAAGCCAATAATGCTGCCAATGGTCCCTGTATATTA

>HPV103_Unclassified_109390382_nt3261_Genome_Tile|1
TTTTAAGCCAATAATGCTGCCAATGGTCCCCTGTATATTATCCTAACCCCTACATAGGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3301_Genome_Tile|1
TCCTAACCCCTACATAGGTATAAGTGTATGTACTATATATGTTGTAAATAGCTTACATGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3321_Genome_Tile|1
TAAGTGTATGTACTATATATGTTGTAAATAGCTTACATGGATGTACAACCGAAAAAGCGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3361_Genome_Tile|1
ATGTACAACCGAAAAAGCGACAAAAACGGGATACTGTGGAAAATATATATAAACATTGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3381_Genome_Tile|1
CAAAAACGGGATACTGTGGAAAATATATATAAACATTGTGCAGGGTCAGGCACATGTCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3441_Genome_Tile|1
GAGGATGTTAAAAATAAAGTAGAGCAAACAACATTAGCAGACAACTGTTAAAATGGATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3461_Genome_Tile|1
AGAGCAAACAACATTAGCAGACAACTGTTAAAATGGATTGCCAGTGTGGTTTACTTTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3561_Genome_Tile|1
TCTGGCTATGTTCCCATTTGGGTCGGGGTCTGCAGGTGGGGTTCGGGTAACATCACAGGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3621_Genome_Tile|1
ACTGTAGTACGTCCGGGTGTTGTGGTAGATCCTATTGGGCCTCCTGATATAGTTCCTATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3641_Genome_Tile|1
TGTGGTAGATCCTATTGGGCCTCCTGATATAGTTCCTATAGATGCAGTTACACCACAGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3661_Genome_Tile|1
CTCCTGATATAGTTCCTATAGATGCAGTTACACCACAGTCCTCCTCTGTGGTACCATTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3681_Genome_Tile|1
GATGCAGTTACACCACAGTCCTCCTCTGTGGTACCATTAGAGGTAATACCTGAGATTGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3701_Genome_Tile|1
CTCCTCTGTGGTACCATTAGAGGTAATACCTGAGATTGTTGGCGACCCTACGCCCCCTGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3721_Genome_Tile|1
AGGTAATACCTGAGATTGTTGGCGACCCTACGCCCCCTGATATATCTACTCCTAATATTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3741_Genome_Tile|1
GGCGACCCTACGCCCCCTGATATATCTACTCCTAATATTATTACTGTAACAGATCCTGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3761_Genome_Tile|1
TATATCTACTCCTAATATTATTACTGTAACAGATCCTGTATCTGACATAACACTAGACAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3801_Genome_Tile|1
TCTGACATAACACTAGACACCACCTCTCCTGCTGTTGCTACTATTGACCCCACCAGTGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3821_Genome_Tile|1
CACCTCTCCTGCTGTTGCTACTATTGACCCCACCAGTGCTATACTGGAGGTGCAGCCCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3861_Genome_Tile|1
ATACTGGAGGTGCAGCCCCTGCATCAACACCTAAAAGGGTCTCTGTAGGCAGTAGCAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3881_Genome_Tile|1
TGCATCAACACCTAAAAGGGTCTCTGTAGGCAGTAGCAGACATGTTACGCCATCATACAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3901_Genome_Tile|1
TCTCTGTAGGCAGTAGCAGACATGTTACGCCATCATACTCTCTGTATATGGGCATCCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3921_Genome_Tile|1
CATGTTACGCCATCATACTCTCTGTATATGGGCATCCTACAGACCCTGTTACACAATCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3981_Genome_Tile|1
GCAGCTGAGGTGTTTATAGGGGGTGTCTGTAAACAGAAGGATCTGTTGTCAATATTGGGGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4021_Genome_Tile|1
CTGTTGTCAATATTGGGGAATCTATACCATTAGAAACATTTGTGGAAACACAGGGGTCTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4041_Genome_Tile|1
TCTATACCATTAGAAACATTTGTGGAAACACAGGGGTCTGCCACATTTGATATTCAACCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4061_Genome_Tile|1
TGTGGAAACACAGGGGTCTGCCACATTTGATATTCAACCTACTGCAGAGCCACCACGTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4081_Genome_Tile|1
CCACATTTGATATTCAACCTACTGCAGAGCCACCACGTACTAGTACCCCTCGGGCATTTTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4121_Genome_Tile|1

TAGTACCCCTCGGGCATTTCAAAGAGCATTCCAAAGGGCTCGTGAATTATATAATAGGCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4141_Genome_Tile|1
AAAGAGCATTCCAAAGGGCTCGTGAATTATATAATAGGCGGGTTCAACAAGTTAGAACTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4161_Genome_Tile|1
CGTGAATTATATAATAGGCGGGTTCAACAAGTTAGAACTAGGAACATAGATTTTCCTAAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4181_Genome_Tile|1
GGTTCAACAAGTTAGAACTAGGAACATAGATTTCCCTAAACCGCCACGACAGGCGGTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4201_Genome_Tile|1
GGAACATAGATTTTCCTAAACCGCCACGACAGGCGGTACTTTTCAATTTGAAAATCCCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4281_Genome_Tile|1
CTTGTATTTGAACAGGATTTAAATGCCTTAGCTACTGCTGCACCAGATCCTGATTTTGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4381_Genome_Tile|1
CTGAAGGCCACATTAGACTAAGCAGGTTGGGTCAACGTGGCACTATTCGTACAAGAAGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4521_Genome_Tile|1
GGTCAGCATTCGGTGACACAGGTATTATTGATGCAGCAACAGCACAATCTATTGTTGCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4541_Genome_Tile|1
AGGTATTATTGATGCAGCAACAGCACAATCTATTGTTGCAGACACAGCTGAATCTAGTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4601_Genome_Tile|1
TATAGAAGGTCAAACATTAATAGGCCCACAGCTAGACAATGAGCTGCTTGATTCTACAAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4661_Genome_Tile|1
CGAGGATTTTAGCTCCTCTCGTCTCCGATTTGCAGGGGTTACCATGGCATCCAGTTTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4681_Genome_Tile|1
GTCTCCGATTTGCAGGGGTTACCATGGCATCCAGTTTCCCTCTTTAGATATTGTTACTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4721_Genome_Tile|1
CTCTTTAGATATTGTTACTTTACCACCTGGTGCTGCATTACAATTTGTTGTCACCTGCATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4761_Genome_Tile|1
CAATTTGTTGTCACCTGCATCCGCTGGTAAACATAATACTACAACCTATTATTCCACAATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4781_Genome_Tile|1
CGCTGGTAAACATAATACTACAACCTATTATTCCACAATATATCCCCACTACACCTTTTAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4801_Genome_Tile|1
CAACTATTATTCCACAATATATCCCCACTACACCTTTTATTCTTCTGTGGTAGTAGATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5021_Genome_Tile|1
ATGAATACGTTGTGGAAACGTCTATTTTCTTCCATGCCTCCAGCGACCGCTGCTTACTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5081_Genome_Tile|1
TAGGACACCCATATTTTCCAATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5101_Genome_Tile|1
ATTACAAAAGTGGGTGAAGGTACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAATTCAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5121_Genome_Tile|1
TACAATTGTTGTACCTAAGGTATCTGGTAATCAATTCAGGGCCTTTCACATCCTTTTACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5141_Genome_Tile|1
TATCTGGTAATCAATTCAGGGCCTTTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAGTTGGCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5161_Genome_Tile|1
GCCTTTCACATCCTTTTACCTGATCCTAACAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5181_Genome_Tile|1
TGATCCTAACAAGTTGGCACTTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGAACGGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5201_Genome_Tile|1
TTGTGGATTCCAATATATATAATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTTTGAAGTTACGGGGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5221_Genome_Tile|1
AATGCCGAGTCAGAACGGCTTGTTTGAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5241_Genome_Tile|1
TGTTTGAAGTTACGGGGTCTGGATATTGGTCGTGGTGACCCCTTAGCGTTGGCTCTTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5261_Genome_Tile|1
TGGATATTGGTCGTGGTGACCCCTTAGCGTTGGCTCTTCTGGACACCCCTTATTTAATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5301_Genome_Tile|1
TGGACACCCCTTATTTAATAAACTTAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAAAC

>HPV103_Unclassified_109390382_nt5321_Genome_Tile|1
AACTTAAGGATACTGAAAATCCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAACAGACAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5341_Genome_Tile|1
CCTAATAGTTATGTTAAAACAGGAAAGGAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5361_Genome_Tile|1
AGGAAAGGAAAACAGACAAAGTGTCTCTATGGACCCAAAGCAAACCTCAGCTATTTGTAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5561_Genome_Tile|1
GTGCAATGAATTTTGCTACATTGCAGGAGGACCATTTCAGGTGTACCCCTTGACATTGTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5581_Genome_Tile|1
TTGCAGGAGGACCATTTCAGGTGTACCCCTTGACATTGTAGCTTCTAAATGTAAATGGCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5641_Genome_Tile|1
GATTTTCTTAGAATGGCAAATGACACATATGGCAATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5661_Genome_Tile|1
TGACACATATGGCAATCAAATGTTTTCTTTGGAAGACGTGAGCAGTTGTATGCTCGCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5721_Genome_Tile|1
CTTTTTTGTAGGGATGGTGTTCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5741_Genome_Tile|1
TCATGGGCGACAGTATACCTGAGGCTGAATTTGAGGGTGTAAAGCACACCTATATTTTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5781_Genome_Tile|1
TAAGCACACCTATATTTTACAGGGGGCGTCTGACAAAGACCAAATACAGCCTCCTCGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5821_Genome_Tile|1
CAAAATACAGCCTCCTCGTCTGTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5841_Genome_Tile|1
TGTTTTACTATGCAACCCCCAGTGGATCACTGGTTTCTAGTGATTCTCAGTTGTTTGGCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5901_Genome_Tile|1
ACCATACTGGATACAAAAGGCTCAGGGCCCTAATAATAGTGTGTGTTGGAGAAATAATTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5961_Genome_Tile|1
ATTTATTACATTGGTTGATAACACACACAATGTAAATTTTACAATAAATGTAAAGTCAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6061_Genome_Tile|1
CATTATCTGCGACATGTAGAGGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6081_Genome_Tile|1
GGAATTTGAGATTGCTCTTATATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6101_Genome_Tile|1
TATTGCAATTATGCAAGGTTCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6121_Genome_Tile|1
CCTCTCACAGCTGATGTATTAGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6141_Genome_Tile|1
AGCCCATATACATGTAATGGATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6161_Genome_Tile|1
ATCCAGCTATAATTGAGGACTGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6181_Genome_Tile|1
TGGCAGCTAGGGTTTGTACCACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6201_Genome_Tile|1
ACCGCCTCCTTCTTCTATTGGAGATACATACAGATTTTTTAACATCTTTAGCCACACGCTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6241_Genome_Tile|1
ACATCTTTAGCCACACGCTGCCCTGCTGCAGAACCTCCCAAGGAAAAACAGGACCCATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6341_Genome_Tile|1
TGTCTCTGATCTTGACAGATATCCTTTGGGTCGAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6361_Genome_Tile|1
TATCCTTTGGGTCGAGATTTTTATCTCAAACCTGGGGTTAGCTCGTCTTCTACCTCCTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6401_Genome_Tile|1
GCTCGTCTTCTACCTCCTCTAGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6421_Genome_Tile|1
AGAAAGCGGTCTCGTGTAGAGACCCCTACCCGCCAGTACGGTCTGCTAAAAAACGTAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6481_Genome_Tile|1

CGGGGGGTTTAATCTATGGCATTACCTGTGTTGCACATGCACTTTATATTTTTGTTCTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6501_Genome_Tile|1
ATTACCTGTGTTGCACATGCACTTTATATTTTTGTTCTTGTATCAACTGCAGTACTGTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6521_Genome_Tile|1
ACTTTATATTTTTGTTCTTGTATCAACTGCAGTACTGTGTTAACTTGTCTTGTACATTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6541_Genome_Tile|1
TATCAACTGCAGTACTGTGTTAACTTGTCTTGTACATTCTTAACCTATATTACATTTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6561_Genome_Tile|1
TAACCTGTCTTGTACATTCTTAACCTATATTACATTTAAGGGTATTAAATATATTTGTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6601_Genome_Tile|1
GGGTATTAAATATATTTGTCATGGTACCGGCTCTGCGTGATTTGTTATTGAGTCATGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6681_Genome_Tile|1
CTTTTAGTCTTTGGCTTCCGTCCGGCTTGGACGTGCAGGGGCTATACACACTGTTTTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6701_Genome_Tile|1
TCCGGCTTGGACGTGCAGGGGCTATACACACTGTTTTTTTGGATACTTCTTTAATAAAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6721_Genome_Tile|1
GCTATACACACTGTTTTTTTGGATACTTCTTTAATAAAGCTTTCTTTTCAGTGAAACCGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6741_Genome_Tile|1
GGATACTTCTTTAATAAAGCTTTCTTTTCAGTGAAACCGATAACGGTCGCCAACTCCGTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6761_Genome_Tile|1
TTTCTTTTCAGTGAAACCGATAACGGTCGCCAACTCCGTTGCCAACTTTTCAGGTATGTACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6821_Genome_Tile|1
TTGCAAGTTTCAACAACAAGATTACTCAGCCTTCCAGCAACCGAATTAGTTATCTGGCCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6841_Genome_Tile|1
ATTACTCAGCCTTCCAGCAACCGAATTAGTTATCTGGCCGTTGGCCACGACCGGCAGCGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6861_Genome_Tile|1
CCGAATTAGTTATCTGGCCGTTGGCCACGACCGGCAGCGATGTTTTGTAATATCTTGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6941_Genome_Tile|1
CTACCACCTATTCGTTTGTCTTTACTAACCAGGAGAGGTGTATACTATATAAAGTAGAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6961_Genome_Tile|1
TTTACTAACCAGGAGAGGTGTATACTATATAAAGTAGAAGCTGTATTGGGCAGTTCTCTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6981_Genome_Tile|1
TATACTATATAAAGTAGAAGCTGTATTGGGCAGTTCTCTTTTGCCTGGTTGTACCCCTGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7001_Genome_Tile|1
CTGTATTGGGCAGTTCTCTTTTGCCTGGTTGTACCCCTGTGTGGTGGATGGTGGTGGGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7041_Genome_Tile|1
GTGGTGGATGGTGGTGGGCTCTGGGAAATGAATATTGTTCCATTCTTGTATTGTATGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7061_Genome_Tile|1
CTGGGAAATGAATATTGTTCCATTCTTGTATTGTATGGCAATTGTATTTATGCTGTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7081_Genome_Tile|1
CATTCTTGTATTGTATGGCAATTGTATTTATGCTGTGCGTTTGTTTTAACTGTAATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7161_Genome_Tile|1
TGTTTAGCTATTAGAGTGTAACCTATATATATGCGGGATTTGGCCAGTACTTGTGTATGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7181_Genome_Tile|1
ACTATATATATGCGGGATTTGGCCAGTACTTGTGTATGTATAGTGATATAAAAGGTGTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt0041_Genome_Tile|1
TAAACATGCTAACCGCACCCGGTATAAGCTATAAAATATCTGAGGTGATGCAGTATCTG
>HPV96_Beta_50253426_nt0061_Genome_Tile|1
GGTATAAGCTATAAAATATCCTGAGGTGATGCAGTATCTGATCCTGGCAGTCACTCCTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt0081_Genome_Tile|1
CTGAGGTGATGCAGTATCTGATCCTGGCAGTCACTCCTGGAACAACCGATCCAGTGGC
>HPV96_Beta_50253426_nt0201_Genome_Tile|1
AACCGTTAACGGTAAGTTTCGCAACTCTCTCGGTTGCCAAAAGTTTTATCTTGAGAGGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt0241_Genome_Tile|1
AAGTTTTATCTTGAGAGGTTGTTGGCAATTACAACCTGCCACTCATAAACAAGTAACCGC

>HPV96_Beta_50253426_nt0301_Genome_Tile|1
CTGCGTTTCTAGGACATTTTATATACAGACATACAGATCTCTGTTTCATTGTTGAGATGGA
>HPV96_Beta_50253426_nt0341_Genome_Tile|1
CTGTTTCATTGTTGAGATGGATTTAAAGACAGTGCAGCAACTTAGAAGTCATTTGGGCATT
>HPV96_Beta_50253426_nt0361_Genome_Tile|1
TTTAAAGACAGTGCAGCAACTTAGAAGTCATTTGGGCATTCCTACTGAAGACCTGTTGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt0381_Genome_Tile|1
TTAGAAGTCATTTGGGCATTCCTACTGAAGACCTGTTGTTAGCCTGTAACTTCTGTAAGA
>HPV96_Beta_50253426_nt0401_Genome_Tile|1
CCTACTGAAGACCTGTTGTTAGCCTGTAACTTCTGTAAGAAATTTTAACTTTGAGGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt0421_Genome_Tile|1
AGCCTGTAACTTCTGTAAGAAATTTTAACTTTGAGGAGCTATTAGGATTTGATAGCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt0441_Genome_Tile|1
AATTTTAACTTTGAGGAGCTATTAGGATTTGATAGCAAGACTTTAAATCTTATTTGGA
>HPV96_Beta_50253426_nt0461_Genome_Tile|1
CTATTAGGATTTGATAGCAAGACTTTAAATCTTATTTGGAAGGAAGGTTATGCATATGCG
>HPV96_Beta_50253426_nt0481_Genome_Tile|1
GACTTTAAATCTTATTTGGAAGGAAGGTTATGCATATGCGTGTGTTTCAATTGTGCTAG
>HPV96_Beta_50253426_nt0501_Genome_Tile|1
AGGAAGGTTATGCATATGCGTGTGTTTCAATTGTGCTAGAACAGTAGCCAAAGTAGAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt0561_Genome_Tile|1
TTGAACATTTTATGAAAAACAGTCAAGGGACGAGAAATAGAATCTCGCAGTGGCAGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt0601_Genome_Tile|1
AGAATCTCGCAGTGGCAGTTTACTTTGTTGTATTGTTGTTAGATGCCAGTTTGTGTTGCG
>HPV96_Beta_50253426_nt0661_Genome_Tile|1
ACTGTTAGATTATTTAGAAAAGTTAAATATTTGTGGGTATCAAGAAAACTTTATTTAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt0841_Genome_Tile|1
GACGAAGAGTTGACAGAAGAGCAGTCAGAAAACCTGTCAGAATCTACAGTAGCAGAGGTG
>HPV96_Beta_50253426_nt0861_Genome_Tile|1
GCAGTCAGAAAACCTGTCAGAATCTACAGTAGCAGAGGTGGAGCCTCAGAGAACTCTGTA
>HPV96_Beta_50253426_nt0921_Genome_Tile|1
CAAGATTGTAGTACCGTGTGGAGGCTGTGATTCCCGGCTGAAAATCTACGTTTCTGCTAC
>HPV96_Beta_50253426_nt1181_Genome_Tile|1
GATTTAATTGATGATGGGGATGCTGTTGATAATGCGAATGAGCAGGGAATTTCCCGAGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt1341_Genome_Tile|1
TGGAAGCAATACCTTTGTCGCCGCAACACAAATGTAAAAAGCGGCTATTTATGGAACAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt1361_Genome_Tile|1
CCGCAACACAAATGTAAAAAGCGGCTATTTATGGAACAGGACAGCGGGCTTGAGTTATCA
>HPV96_Beta_50253426_nt1441_Genome_Tile|1
TACTGCTCCGGAGGTGGAGGTACCCCCAAATACTGACGGCACAGCACGGACAGAAGTTCA
>HPV96_Beta_50253426_nt1481_Genome_Tile|1
ACAGCACGGACAGAAGTTCAGGCGAGCAATGAGCATTATAGACTATTGTTAAAATGCAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt1501_Genome_Tile|1
GGCGAGCAATGAGCATTATAGACTATTGTTAAAATGCAGTAATCTCAGAGCTACAATGCT
>HPV96_Beta_50253426_nt1541_Genome_Tile|1
AATCTCAGAGCTACAATGCTCAGCAAATTTAAAAACAGCTTTGGGGTGGGGTTTATGGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt1561_Genome_Tile|1
CAGCAAATTTAAAAACAGCTTTGGGGTGGGGTTTATGGAACCTGTGTAGGAAATTTAATAG
>HPV96_Beta_50253426_nt1581_Genome_Tile|1
TTGGGGTGGGGTTTATGGAACCTGTGTAGGAAATTTAATAGCAATAAGACTTGTGTGTCGGG
>HPV96_Beta_50253426_nt1601_Genome_Tile|1
CTGTGTAGGAAATTTAATAGCAATAAGACTTGTGTGTCGGGACTGGGTCGTAACCTGCATAT
>HPV96_Beta_50253426_nt1681_Genome_Tile|1
AGAAGGATGTAAGCAACTGTTACAAGAACATTGTGGTTATATATGGCTTCATACACTATG
>HPV96_Beta_50253426_nt1701_Genome_Tile|1

TACAAGAACATTGTGGTTATATATGGCTTCATACACTATGTCCAATGTCACTCTTTCTAT
>HPV96_Beta_50253426_nt1721_Genome_Tile|1
ATATGGCTTCATACACTATGTCCAATGTCACTCTTTCTATTGTGTTTTAAACTGGTAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt1741_Genome_Tile|1
TCCAATGTCACTCTTTCTATTGTGTTTTAAACTGGTAAAAGCAGAGATACAGTTGTAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt1761_Genome_Tile|1
TGTGTTTTTAAACTGGTAAAAGCAGAGATACAGTTGTAAGATTGTTACAAAGGATGTTAA
>HPV96_Beta_50253426_nt1781_Genome_Tile|1
AGCAGAGATACAGTTGTAAGATTGTTACAAAGGATGTTAAGTATTCATAAAGAGCAACTC
>HPV96_Beta_50253426_nt1801_Genome_Tile|1
ATTGTTACAAAGGATGTTAAGTATTCATAAAGAGCAACTCTTAACTGAACCACCAAAGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt1821_Genome_Tile|1
GTATTCATAAAGAGCAACTCTTAACTGAACCACCAAAGTTACGAAGTGTTATGGCTGTAC
>HPV96_Beta_50253426_nt1941_Genome_Tile|1
GGATTGTTTCAGCAAACGATGATTAGTCACCATGAGGGCGATAATTTGCAATTTGAATTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt2021_Genome_Tile|1
TATGACAATGACTATATCGAAGATTCTGACATTGCATATAACTATGCTAAATTAGCTGAC
>HPV96_Beta_50253426_nt2041_Genome_Tile|1
AGATTCTGACATTGCATATAACTATGCTAAATTAGCTGACGAAGACATAAATGCTCGCGC
>HPV96_Beta_50253426_nt2141_Genome_Tile|1
TGTGCTTGGATGGTAAGACATTACAAACGAGGTGAAATGAGATATATGTCTATTTCTAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2161_Genome_Tile|1
TTACAAACGAGGTGAAATGAGATATATGTCTATTTCTAAATGGATATGGTATAAATTTAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2201_Genome_Tile|1
TGGATATGGTATAAATTAAGAGTAGAAAAATGGCGGCCACTGGTCAAACATAGTAAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2221_Genome_Tile|1
AAAAGTAGAAAAATGGCGGCCACTGGTCAAACATAGTAAAAATTTGTTAGATTCCAAGGTAT
>HPV96_Beta_50253426_nt2261_Genome_Tile|1
TTTGTAGATTCCAAGGTATAAATTTTATAATGTTTTTAGATGCCTTCAAACACTTCCTT
>HPV96_Beta_50253426_nt2321_Genome_Tile|1
TTGTCTAGAACAAAAAAACTGTATTTTATTTTATGGTCCTTCTGATTGTGGCAAAACG
>HPV96_Beta_50253426_nt2361_Genome_Tile|1
CTTCTGATTGTGGCAAAACGATGTTTTGCATGTCTACTAATTAAAGCTCTCGGTGGTAGGG
>HPV96_Beta_50253426_nt2461_Genome_Tile|1
ACCTTTAACGAAAGCAAGATTGCTATGTTAGATGATGCTACAGAAGCTTGTTGGAATTA
>HPV96_Beta_50253426_nt2581_Genome_Tile|1
TAAAGCTCCCATACAGATTAGATTTCTCCATTATTGATTACCTCCAATTATGATATTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt2601_Genome_Tile|1
GATTTCTCCATTATTGATTACCTCCAATTATGATATTTTAAAAAATGAGAGGTATAGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt2621_Genome_Tile|1
ACCTCCAATTATGATATTTTAAAAAATGAGAGGTATAGATTTTGGTTAGCAGAATTAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2641_Genome_Tile|1
AAAAAATGAGAGGTATAGATTTTGGTTAGCAGAATTAAATATTTGAATTTAAGAATAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2841_Genome_Tile|1
TTCAATGCTCTAGAAGACCAGCTCATGGACATATATGAACAAGGGAGTGATAAATTAGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2981_Genome_Tile|1
GGGGTACACTCCTGTTCCCTAGTTTAGCAGCTTCAGAAACAAAGCTAAAGATGTTATTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt3041_Genome_Tile|1
CATGGTTCTTCAACTAGAGAAATTAAGAGACTCACCTTACAAAGATGAACCTTGACATT
>HPV96_Beta_50253426_nt3081_Genome_Tile|1
AAAGATGAACCTTGGACATTGATTAACACCAGTTTAGAAACATATAGAGCTCCTCCTGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt3101_Genome_Tile|1
GATTAAACACCAGTTTAGAAACATATAGAGCTCCTCCTGTTAACTGCTTTAAAAAAGGTCC
>HPV96_Beta_50253426_nt3181_Genome_Tile|1
TTGATGCAGATCCTGAAAATATTATGTTATACACATCCTGGCAGTTCATTTACTTTGAAG

>HPV96_Beta_50253426_nt3201_Genome_Tile|1
ATTATGTTATACACATCCTGGCAGTTCATTACTTTGAAGACACTGATGGACATTGGCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt3221_Genome_Tile|1
GCAGTTCATTTACTTTGAAGACACTGATGGACATTGGCAAAAACTGAAGGGCGTATTGA
>HPV96_Beta_50253426_nt3241_Genome_Tile|1
ACACTGATGGACATTGGCAAAAACTGAAGGGCGTATTGATTATGCTGGTTTATATTATT
>HPV96_Beta_50253426_nt3261_Genome_Tile|1
AAAACTGAAGGGCGTATTGATTATGCTGGTTTATATTATTTGGAAGGGCAATTAAGACAT
>HPV96_Beta_50253426_nt3281_Genome_Tile|1
TTATGCTGGTTTATATTATTTGGAAGGGCAATTAAGACATTATTACGTGGAATTTAAAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt3301_Genome_Tile|1
TGGAAGGGCAATTAAGACATTATTACGTGGAATTTAAAGTAGATGCTCGCAGATTTGGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt3421_Genome_Tile|1
CCTCGCCGTCCTCATACGAAGAGGTCAGAGAACGGGCTGAGCCCCCGACGTCCCCGAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt3441_Genome_Tile|1
GAGGTCAGAGAACGGGCTGAGCCCCCGACGTCCCCGAGGTCGGAACCGCCCCTGACTCC
>HPV96_Beta_50253426_nt3461_Genome_Tile|1
GCCCCCGACGTCCCCGAGGTCGGAACCGCCCCCTGACTCCGGCACCCCTACAGACTGGGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt3581_Genome_Tile|1
TGCCTCCCTCAGGGTCAGGCAAAAAGTATCACGATCTACTACCGGAAAGCCGAAGAACG
>HPV96_Beta_50253426_nt3601_Genome_Tile|1
AAAAAGTATCACGATCTACTACCGGAAAGCCGAAGAACGACGGTCCCGGAGTCCATCGT
>HPV96_Beta_50253426_nt3641_Genome_Tile|1
ACGGTCCCGGAGTCCATCGTCAGGGACAGAGCAAGCCGGTGCACGGGGACGGGGACAACG
>HPV96_Beta_50253426_nt3661_Genome_Tile|1
CAGGGACAGAGCAAGCCGGTGCACGGGGACGGGGACAACGGGGAACCAGGGCCCGTTCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt3841_Genome_Tile|1
GAAGTAGATCTGCAGAGTGCAGATCTATTGACCAGTGTGGCATTCCAGCTTCACAAGTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt4001_Genome_Tile|1
AAATACTTTAAAATGTTATCGCTACAGGGTGAAAGACAACTTAGAGGCTCTTTTGATAA
>HPV96_Beta_50253426_nt4021_Genome_Tile|1
GCTACAGGGTGAAAGACAACTTAGAGGCTCTTTTGATAAAATTAGTACAACATGGTCAT
>HPV96_Beta_50253426_nt4041_Genome_Tile|1
CTTAGAGGCTCTTTTGATAAAATTAGTACAACATGGTCATGGGTGGCTTCACAAGGTAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt4101_Genome_Tile|1
ACACGCATAGGTAGAGCTCGCATGCTGCTTAGCTTTGTTTCAGAAGATCAGAGGGAAAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt4181_Genome_Tile|1
ACCTAAGGGTGTTGATTGGTCCTTTGGTAGCTTTGATAGTCTTTAACTACTAACATTTCA
>HPV96_Beta_50253426_nt4201_Genome_Tile|1
CCTTTGGTAGCTTTGATAGTCTTTAACTACTAACATTTTCATTTTTTTTATACTAATAACTA
>HPV96_Beta_50253426_nt4221_Genome_Tile|1
CTTTAACTACTAACATTTTCATTTTTTTTATACTAATAACTAACCCTTTATATATTGTAT
>HPV96_Beta_50253426_nt4241_Genome_Tile|1
TTTTTTTATACTAATAACTAACCCTTTATATATTGTATGGCGCGCGCACGTAGAGTAA
>HPV96_Beta_50253426_nt4481_Genome_Tile|1
GTTATGTCCCTTTGCCTGAAGGACCTGCACCTGGTGTTCGCGTGGGTGGTACACCAACTG
>HPV96_Beta_50253426_nt4621_Genome_Tile|1
GTTGCACCTTCAGTTGTCCCTCTTACAGACACAGGACCTGATTTGTTGCCAGGAGAAATT
>HPV96_Beta_50253426_nt4641_Genome_Tile|1
TCTTACAGACACAGGACCTGATTTGTTGCCAGGAGAAATTGAGACCATTTGCTGAGGTACA
>HPV96_Beta_50253426_nt4701_Genome_Tile|1
TCCTGTGTCAGATGTAACACCTGTTGACACACCAGTGGTGACAGGTGGTAGAGGCTCGAG
>HPV96_Beta_50253426_nt4881_Genome_Tile|1
GTTATCTGACCAAATCATTGTACAATCAGGTTCTGGAGGACAAAATATTGGTGGTAGTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt4921_Genome_Tile|1

CAAAATATTGGTGGTAGTGGGCCTTCTGTGGAAATAGAATTAGAAGAGTCCCCACAAGA
>HPV96_Beta_50253426_nt5001_Genome_Tile|1
GCCAACCCCTCCTAGAAAACTAGTACACCTGTAAGAATGGCTCAGCAGGCCTCACGAGC
>HPV96_Beta_50253426_nt5021_Genome_Tile|1
CTAGTACACCTGTAAGAATGGCTCAGCAGGCCTCACGAGCTTTACGTAGAGCTTTATACA
>HPV96_Beta_50253426_nt5041_Genome_Tile|1
GCTCAGCAGGCCTCACGAGCTTTACGTAGAGCTTTATACAATCGTAGATTAAACACAACAG
>HPV96_Beta_50253426_nt5061_Genome_Tile|1
TTTACGTAGAGCTTTATACAATCGTAGATTAAACACAACAGGTTTCTGTAGAAAATCCTCT
>HPV96_Beta_50253426_nt5081_Genome_Tile|1
ATCGTAGATTAAACACAACAGGTTTCTGTAGAAAATCCTCTATTTTTACAACAGCCTTCTA
>HPV96_Beta_50253426_nt5101_Genome_Tile|1
GTTTCTGTAGAAAATCCTCTATTTTTACAACAGCCTTCTAAATTAGTTACTTTTCAATTT
>HPV96_Beta_50253426_nt5321_Genome_Tile|1
AACGAGCAACCATCAGAACACGCTCTGGAGCACAGGTTGGCACTCAAGTTCACTTTTACA
>HPV96_Beta_50253426_nt5341_Genome_Tile|1
CGCTCTGGAGCACAGGTTGGCACTCAAGTTCACTTTTACAGAGATATAAGCACTATTGAC
>HPV96_Beta_50253426_nt5361_Genome_Tile|1
CACTCAAGTTCACTTTTACAGAGATATAAGCACTATTGACACAGAACCCTCCATTGAATT
>HPV96_Beta_50253426_nt5481_Genome_Tile|1
ATTTGTTAATATGGATGTACAAGAAATTCCCTACTTTGGAGGAAGTGCCAGAATTACATTC
>HPV96_Beta_50253426_nt5501_Genome_Tile|1
AAGAAATTCCCTACTTTGGAGGAAGTGCCAGAATTACATTCTGAAGATGTGCTATTAGAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt5521_Genome_Tile|1
GAAGTGCCAGAATTACATTCTGAAGATGTGCTATTAGAGGAGGCATTAGAAGACTTTAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt5541_Genome_Tile|1
TGAAGATGTGCTATTAGAGGAGGCATTAGAAGACTTTAGTGGAGCACAATTAGTTTTTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt5601_Genome_Tile|1
AAATTCTAGAAGATCAAATGTAATAACTATTCCCTAGATTTGAGACTCCAAGAGAGATTAA
>HPV96_Beta_50253426_nt5621_Genome_Tile|1
TAATAACTATTCCTAGATTTGAGACTCCAAGAGAGATTAATATTTATACACCAGATTTAG
>HPV96_Beta_50253426_nt5641_Genome_Tile|1
GAGACTCCAAGAGAGATTAATATTTATACACCAGATTTAGATGGATATTACATATCATAT
>HPV96_Beta_50253426_nt5661_Genome_Tile|1
TATTTATACACCAGATTTAGATGGATATTACATATCATATCCAGAAACAAGGAATATTCC
>HPV96_Beta_50253426_nt5681_Genome_Tile|1
ATGGATATTACATATCATATCCAGAAACAAGGAATATTCCAGAAAGTTATATACACTGAGC
>HPV96_Beta_50253426_nt5701_Genome_Tile|1
CCAGAAACAAGGAATATTCCAGAAAGTTATATACACTGAGCCAGACACGACTCCAACAATA
>HPV96_Beta_50253426_nt5721_Genome_Tile|1
AGAAGTTATATACACTGAGCCAGACACGACTCCAACAATAATAATTCATACAGAGGATTT
>HPV96_Beta_50253426_nt7341_Genome_Tile|1
ACTGTAACCGGGAGGGCTACAACCTCAAGAGGTACAAAACGAAAACGACGCTGACCGCTA
>HPV96_Beta_50253426_nt7361_Genome_Tile|1
AACCTCAAGAGGTACAAAACGAAAACGACGCTGACCGCTATCGGTTCCGGGACCTTCAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt0041_Genome_Tile|1
CTTTATTACTCAACAAGTATTTTCTTGACCGATTTTCGTAGCACCTGTTTATAAGTATTG
>HPV93_Beta_37089393_nt0061_Genome_Tile|1
TTTCTTGACCGATTTTCGTAGCACCTGTTTATAAGTATTGATATATGGTATATAAGGCAG
>HPV93_Beta_37089393_nt0101_Genome_Tile|1
ATATATGGTATATAAGGCAGACATCTTAATGGCGGCAGTAAGTAAACCTCAGACCATTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt0121_Genome_Tile|1
ACATCTTAATGGCGGCAGTAAGTAAACCTCAGACCATTACAGAGCTTGCTAGGTGTCTTG
>HPV93_Beta_37089393_nt0161_Genome_Tile|1
AGAGCTTGCTAGGTGTCTTGGTATACCGTTAGAAGATGCTTTGGTGCCTTGTAATTTTTG

>HPV93_Beta_37089393_nt0181_Genome_Tile|1
GTATACCGTTAGAAGATGCTTTGGTGCTTGTAAATTTTTGTAAAAAGTTTTTAACATATT
>HPV93_Beta_37089393_nt0221_Genome_Tile|1
TAAAAAGTTTTTAACATATTTGGAAGTCGTTGAATTTGATGTAAAACAACTTTGTCTAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt0301_Genome_Tile|1
TTGGCTGTTGCAGATGTTGTTGTATAGCATCAGCCACGTATGAATTTGATAATTACTTGA
>HPV93_Beta_37089393_nt0361_Genome_Tile|1
ATGATAGTGTGTTGGCTGGGCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTA
>HPV93_Beta_37089393_nt0381_Genome_Tile|1
GCAATAGAAGTTAAGGAAAAAAGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGGTGTCGCCATTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt0401_Genome_Tile|1
AAAGCCACTCTCTGAAATTATAGTGAGGTGTCGCCATTGTATGAAAAAATTAGATCAAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt0681_Genome_Tile|1
TCAAGATTATTGTGTTCTGCGGCGGAGGCTGTGGATCCCGACTTCGAATATTTGTTGCTG
>HPV93_Beta_37089393_nt0721_Genome_Tile|1
ACTTCGAATATTTGTTGCTGCCACAGAATTTGGAGTTCGTTGCTTTCAGCAATTGCTAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt1021_Genome_Tile|1
AGTTAGAAGACAGCGAGACTTTATTGCAATCATTAAAGCGAAAGTATATTAGTCCCAGGG
>HPV93_Beta_37089393_nt1181_Genome_Tile|1
GAACTTAACAAATGAAGTTGAAGATATTGTTACACAGGTGGAACAAAAGGAGGAGGTACC
>HPV93_Beta_37089393_nt1201_Genome_Tile|1
AAGATATTGTTACACAGGTGGAACAAAAGGAGGAGGTACCGACAGCATCCACAACTTGA
>HPV93_Beta_37089393_nt1221_Genome_Tile|1
GAACAAAAGGAGGAGGTACCGACAGCATCCACAACTTGAGGGAGGGGGAAAATGTACAT
>HPV93_Beta_37089393_nt1241_Genome_Tile|1
GACAGCATCCACAACTTGAGGGAGGGGGAAAATGTACATTACAAGGAACTTATGAGATG
>HPV93_Beta_37089393_nt1281_Genome_Tile|1
TACAAGGAACTTATGAGATGTAGTAATTTGAAAGCTACATTACTTGCAAAAATTCAAAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt1321_Genome_Tile|1
TACTTGCAAAAATTCAAAGTGCTTTTGGTGTTAGTTTTGCAGAGTTGACGCGGCAGTATA
>HPV93_Beta_37089393_nt1401_Genome_Tile|1
AACGATTGGGTGATTGCAATTTATGGTGTGAATAATGATTTGTTTGAAGGTTCCAAAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt1421_Genome_Tile|1
TTATGGTGTGAATAATGATTTGTTTGAAGGTTCCAAAAAATTGCTGCAACAGCACTGTGA
>HPV93_Beta_37089393_nt1441_Genome_Tile|1
TGTTTGAAGGTTCCAAAAAATTGCTGCAACAGCACTGTGATTATATTTGGCTCACTGAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt1501_Genome_Tile|1
TGTCTGCAATGTATTTATATTTATTATGTTTTAAAGCTGGGAAGAATAGGCATACTGTGA
>HPV93_Beta_37089393_nt1521_Genome_Tile|1
TTATTATGTTTTAAAGCTGGGAAGAATAGGCATACTGTGATAAGATTATTAATCTCTATG
>HPV93_Beta_37089393_nt1541_Genome_Tile|1
GAAGAATAGGCATACTGTGATAAGATTATTAATCTCTATGCTACATGTTGCAGAGGAACA
>HPV93_Beta_37089393_nt1561_Genome_Tile|1
TAAGATTATTAATCTCTATGCTACATGTTGCAGAGGAACAAATACTGTCTGAACCACCAA
>HPV93_Beta_37089393_nt1581_Genome_Tile|1
CTACATGTTGCAGAGGAACAAATACTGTCTGAACCACCAAAGCTTAGAAGCACTGTAGCA
>HPV93_Beta_37089393_nt1661_Genome_Tile|1
CAGTTCCAACCTCGGGAACATTTACCCATGGTTCATATCCTAAATGGATAGTAGAACAAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt2021_Genome_Tile|1
AAAATTTATTAGATACCAAGGTATTAATTTTATAAGTTTTCTCTCTGCTTTGAAGGACTT
>HPV93_Beta_37089393_nt2641_Genome_Tile|1
GAAGTTGCTAGTGATACCCTAGAAGCACAAATAGAACATTGGCGGCTTCTTCGTAAAGAA
>HPV93_Beta_37089393_nt2721_Genome_Tile|1
TAGGCAAAAATGGTGTTTTTAAGACTTGGGTATCAGCCAGTACCACCACTTGCAACATCTGA
>HPV93_Beta_37089393_nt2781_Genome_Tile|1

AGCAAAAGCCAAAGAGGCAATTGGCATGATGTTACAGCTGCAGTCATTACAAAAGTCAGC
>HPV93_Beta_37089393_nt2801_Genome_Tile|1
TTGGCATGATGTTACAGCTGCAGTCATTACAAAAGTCAGCCTATGCATCTGAAAAGTGGA
>HPV93_Beta_37089393_nt3041_Genome_Tile|1
CAAATCATACAGGCATTTATTATACTATAAAGGATTTCAAGCATTACTATACTTTGTTTG
>HPV93_Beta_37089393_nt3061_Genome_Tile|1
TATACTATAAAGGATTTCAAGCATTACTATACTTTGTTTGCTGACGATGCAAAAAAATAT
>HPV93_Beta_37089393_nt3181_Genome_Tile|1
AGCTCCACGCCGCCAGAATCCCCAGGACGAGAAAGAGCTTCCCCAGAGTCCACCGCTCAC
>HPV93_Beta_37089393_nt3201_Genome_Tile|1
CCCAGGACGAGAAAGAGCTTCCCCAGAGTCCACCGCTCACACCAAGACCACCGCCCGTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt3401_Genome_Tile|1
GGCGAAGGTCGCGGTCCAGAACACATCCTCTCAATCTCGATCTCGGTCGCGATCCTCTT
>HPV93_Beta_37089393_nt3421_Genome_Tile|1
ACAACATCCTCTCAATCTCGATCTCGGTCGCGATCCTCTTCTCTAGAGGATCAAGGGGG
>HPV93_Beta_37089393_nt3801_Genome_Tile|1
ATGCTTTAGGAATCGGGCAAAACAAAAGTATAAAGGCTTATGCAAGGCATTTAGCACAAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt3901_Genome_Tile|1
AGGTCCAGAGTGCTCGTAAGTTTTACCAGCCATACACAGCGCAGCTCTTTTTTAAAGGTA
>HPV93_Beta_37089393_nt3921_Genome_Tile|1
TTTTACCAGCCATACACAGCGCAGCTCTTTTTTAAAGGTAGTTAAGTTTCCAAAAGGAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt3941_Genome_Tile|1
GCAGCTCTTTTTTAAAGGTAGTTAAGTTTCCAAAAGGAGTAGATTGGTCTTTAGGCAACT
>HPV93_Beta_37089393_nt3961_Genome_Tile|1
GTTAAGTTTCCAAAAGGAGTAGATTGGTCTTTAGGCAACTTAGATAAACTATAATACTAA
>HPV93_Beta_37089393_nt4021_Genome_Tile|1
CTTGCTTTTGCTACTAACATATAACCAAGCTTTCTTTGTTTTTGTATATTCTTGCAATGG
>HPV93_Beta_37089393_nt4381_Genome_Tile|1
CCGTAGATACCATAGCTCCTGTAGAACCATCCTCATCTTCAATTGTTCCATTAACAGAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt4401_Genome_Tile|1
GTAGAACCATCCTCATCTTCAATTGTTCCATTAACAGAACTTCTGGTGTAGATTTATTA
>HPV93_Beta_37089393_nt4421_Genome_Tile|1
AATTGTTCCATTAACAGAACTTCTGGTGTAGATTTATTACCAGGAGAAATTGAATCTAT
>HPV93_Beta_37089393_nt4441_Genome_Tile|1
CTTCTGGTGTAGATTTATTACCAGGAGAAATTGAATCTATTGCAGAAGTACATCCTGTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt4501_Genome_Tile|1
CTGATGTTGCCAGTTTTGATACACCAGTTGTTACCACCAGTAAAGGTTCCAGTGCAATTT
>HPV93_Beta_37089393_nt4521_Genome_Tile|1
ACACCAGTTGTTACCACCAGTAAAGGTTCCAGTGCAATTTTAGAAGTTGCTCCCGATCCA
>HPV93_Beta_37089393_nt4701_Genome_Tile|1
TCTGGTCTGGTGGACAGTCAGTAGGTAGAGCTGAAGAAATCGAGTTGCAAGAATTCCTT
>HPV93_Beta_37089393_nt4721_Genome_Tile|1
AGTAGGTAGAGCTGAAGAAATCGAGTTGCAAGAATTCCTTAGTAGATATTCATTTGAAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt4781_Genome_Tile|1
AGAAACACCTACTCCACCAAGGAGAAGTAGCACTCCTTTACAAAGACTTAGACAAGCTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt4801_Genome_Tile|1
GGAGAAGTAGCACTCCTTTACAAAGACTTAGACAAGCTGTAAGGGGCAGATCTTTAACAA
>HPV93_Beta_37089393_nt4821_Genome_Tile|1
CAAAGACTTAGACAAGCTGTAAGGGGCAGATCTTTAACAAATAGACGGTTAATACAACAA
>HPV93_Beta_37089393_nt4981_Genome_Tile|1
AGCAAGATTTAGATGATTTTATAGAACCACCAACAGAGATTTTCTTGATATTCAAACCTC
>HPV93_Beta_37089393_nt5101_Genome_Tile|1
AACGAGCCACTATTTCGTACACGCTCGGGGGCCCAAATTGGGTACACAGGTACACTTTTATA
>HPV93_Beta_37089393_nt5301_Genome_Tile|1
TTGGAATCATACCCTGAGGCACATACAGAGGATGCATTATTAGATGAAGCAGTAGAAGAT

>HPV93_Beta_37089393_nt5321_Genome_Tile|1
ACATACAGAGGATGCATTATTAGATGAAGCAGTAGAAGATTTTCAGTGGTCTCAATTGGT
>HPV93_Beta_37089393_nt5361_Genome_Tile|1
TTCAGTGGTCTCAATTGGTAATTGGCAATAGAAGATCTACCTCTACTTACACAGTACCT
>HPV93_Beta_37089393_nt5381_Genome_Tile|1
AATTGGCAATAGAAGATCTACCTCTACTTACACAGTACCTCGCTTTGAAACCCCAAGAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt5401_Genome_Tile|1
CCTCTACTTACACAGTACCTCGCTTTGAAACCCCAAGAAATGCTACATATTACACACAAG
>HPV93_Beta_37089393_nt5421_Genome_Tile|1
CGCTTTGAAACCCCAAGAAATGCTACATATTACACACAAGACTTAAAAGGTTATTATGTA
>HPV93_Beta_37089393_nt5441_Genome_Tile|1
TGCTACATATTACACACAAGACTTAAAAGGTTATTATGTATCATATCCAGAATCTAGAGA
>HPV93_Beta_37089393_nt5461_Genome_Tile|1
ACTTAAAAGGTTATTATGTATCATATCCAGAATCTAGAGATGATTTGCAAATTATTTATC
>HPV93_Beta_37089393_nt5481_Genome_Tile|1
TCATATCCAGAATCTAGAGATGATTTGCAAATTATTTATCCCTCTCCAGATCTCCCAGCA
>HPV93_Beta_37089393_nt5501_Genome_Tile|1
TGATTTGCAAATTATTTATCCCTCTCCAGATCTCCCAGCAGTTGTAATTCATACATATGA
>HPV93_Beta_37089393_nt5521_Genome_Tile|1
CCTCTCCAGATCTCCCAGCAGTTGTAATTCATACATATGATAATAGTGGGGATTTTTATT
>HPV93_Beta_37089393_nt5541_Genome_Tile|1
GTTGTAATTCATACATATGATAATAGTGGGGATTTTTATTACACCCAAGTTTACTACGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6161_Genome_Tile|1
ACCTAAATGTGATGGAGCCAATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATACAATTAGTAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt6181_Genome_Tile|1
ATGACCAAAATGGGATTTGCCACCTATACAATTAGTAAACACTGTTATTCAAGATGGGG
>HPV93_Beta_37089393_nt6421_Genome_Tile|1
ACTTTTTTGTAAAGAGGTGGCAACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCAG
>HPV93_Beta_37089393_nt6441_Genome_Tile|1
AACGTAGGAGATGACATTCCTGGTGAACAAATAGACGCAGGCACATATAAAAATGATTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6681_Genome_Tile|1
GTAGACAACACAAGAAACACAACTTCAGTATTAGTGTATATACAGACCCTGGGAAAATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6901_Genome_Tile|1
AATTAGGGTTTGTCCCAACTCCAGACAATCCGTTACAGAGTACTTATCGATATATTAATA
>HPV93_Beta_37089393_nt6941_Genome_Tile|1
TACTTATCGATATATTAATAGTTTAGCTACACCATGTCCCGATAAGGTTCCACCAAAGGA
>HPV93_Beta_37089393_nt7101_Genome_Tile|1
TATCAGGCAAACTTTGTACAATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGAGGAACT
>HPV93_Beta_37089393_nt7121_Genome_Tile|1
ATCACCAGCTAAACGGTCATCATCTATTTCTCGAGGAACTAAAAGAAAAAGAAGCAAATA
>HPV93_Beta_37089393_nt7161_Genome_Tile|1
AAAAGAAAAAGAAGCAAATAATTTTACCACTTTTGGTACAATAAAGAGTATATCAAACAG
>HPV93_Beta_37089393_nt7181_Genome_Tile|1
ATTTTACCACTTTTGGTACAATAAAGAGTATATCAAACAGTATTCCAAGAATGCTTGTAT
>HPV93_Beta_37089393_nt7201_Genome_Tile|1
ATAAAGAGTATATCAAACAGTATTCCAAGAATGCTTGTATTCATATGTCTGACTAATTTG
>HPV93_Beta_37089393_nt7341_Genome_Tile|1
AGGTTCCAACACGCTCGGATTTGGCGCATCCTACCACATTTGGCGCCTTTTCTGCTGGCA
>HPV92_Beta_27531786_nt0021_Genome_Tile|1
ACGCCATAGAAAAACACGTAACCGCTGCGTTATAATACAAACAGCTAGTATATAAATAC
>HPV92_Beta_27531786_nt0061_Genome_Tile|1
AACAGCTAGTATATAAATACAGGCAGTGAAAGTGTCCCATCACAATGGCAAAACCTCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt0081_Genome_Tile|1
AGGCAGTGAAAGTGTTCATCACAATGGCAAAACCTCCTTCGGTGCAGGAACTTAGAAG
>HPV92_Beta_27531786_nt0101_Genome_Tile|1

TCACAATGGCAAAACCTCCTTCGGTGCAGGAACCTTAGAAGACAGTTAGATATTCCATTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt0141_Genome_Tile|1
ACAGTTAGATATTCCATTGGAGGACATTTTATTGCATTGTAATTTTTGTGAGGCTTTTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt0161_Genome_Tile|1
AGGACATTTTATTGCATTGTAATTTTTGTGAGGCTTTTTTAACATTTGAGGAGCTACTGC
>HPV92_Beta_27531786_nt0181_Genome_Tile|1
AATTTTTGTGAGGCTTTTTTAACATTTGAGGAGCTACTGCAATTTGATGCAAAAAATTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt0201_Genome_Tile|1
AACATTTGAGGAGCTACTGCAATTTGATGCAAAAAATTTAAATTTAATTTGGAAGGAGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt0221_Genome_Tile|1
AATTTGATGCAAAAAATTTAAATTTAATTTGGAAGGAGAATTATGCTTATGCTTGCTGTG
>HPV92_Beta_27531786_nt0241_Genome_Tile|1
AATTTAATTTGGAAGGAGAATTATGCTTATGCTTGCTGTGGTGCTTGTGCTAAACAAGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt0261_Genome_Tile|1
TTATGCTTATGCTTGCTGTGGTGCTTGTGCTAAACAAGTAGCAGCAATAGAAACAAAACA
>HPV92_Beta_27531786_nt0321_Genome_Tile|1
TTTTTATGAGTATAGTGTACAAGGAAAGGATGCTATAGAAAGGACTCAGGTAGTCTTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt0341_Genome_Tile|1
AAGGAAAGGATGCTATAGAAAGGACTCAGGTAGTCTTTTGTGTTGTTAACTGTTAGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt0361_Genome_Tile|1
AGGGACTCAGGTAGTCTTTTGTGTTGTTTAACTGTTAGATGTAAGTTTTGTTTAAAGACAT
>HPV92_Beta_27531786_nt0381_Genome_Tile|1
GTGTTGTTTAACTGTTAGATGTAAGTTTTGTTTAAAGACATTTGGATTACTTAGAGAAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt0401_Genome_Tile|1
GTAAGTTTTGTTTAAAGACATTTGGATTACTTAGAGAAATTGGCAGTTTGTGCATCAGGCA
>HPV92_Beta_27531786_nt0421_Genome_Tile|1
TTGGATTACTTAGAGAAATTGGCAGTTTGTGCATCAGGCATTCCTTTTGATAGAGTTAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt0461_Genome_Tile|1
TTCCTTTTGATAGAGTTAGAGGAGCTTGAAGGCAGTGTGTAGGTTTTGTACAGAGATAT
>HPV92_Beta_27531786_nt0641_Genome_Tile|1
AAGAATAGACTACAAGATAGTTTCCTCGTGGTGGCTGCGGAATTAAGCTTCGAATTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt0901_Genome_Tile|1
GATATTTTCAGATTTATTAGATGATGGGGACCTTGGGGACGCAGAATTGGGAAATCCCCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt1061_Genome_Tile|1
AATTGGAATCTATTACTATTTTCGCCTCAACGCAAAAGTAAGAGGCGACTGTTTCGAGGAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt1081_Genome_Tile|1
TCGCCTCAACGCAAAAGTAAGAGGCGACTGTTTCGAGGAACAGGACAGCGGACTTGAGCTT
>HPV92_Beta_27531786_nt1181_Genome_Tile|1
AGGTACCGGGGTCAAAAGATGACGTCCCAGAACTGTTTCTGCTACAGCAGAACTAAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt1201_Genome_Tile|1
GACGTCCCAGAACTGTTTCTGCTACAGCAGAACTAAGGGAAGCCAAAACAAAGAACAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1241_Genome_Tile|1
GAAGCCAAAACAAAGAACATTACAAACAGTTACTACAGTGCAGCAATGCGCGGGCTACAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1261_Genome_Tile|1
TACAAACAGTTACTACAGTGCAGCAATGCGCGGGCTACATTGCTTAGTAAATTTAAAGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt1441_Genome_Tile|1
TTATTTTCAGCAGCATTTGTGAATATATTTGGTTGCATGTTTTATCTCCAATATCTTTGTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1461_Genome_Tile|1
ATATATTTGGTTGCATGTTTTATCTCCAATATCTTTGTATTTACTATGTTTTAAACTGG
>HPV92_Beta_27531786_nt1481_Genome_Tile|1
TATCTCCAATATCTTTGTATTTACTATGTTTTAAACTGGAAAAGCAGAAATACTGTAA
>HPV92_Beta_27531786_nt1501_Genome_Tile|1
TTACTATGTTTTAAACTGGAAAAGCAGAAATACTGTAAAGAACTTGTTGATGTCCATT
>HPV92_Beta_27531786_nt1521_Genome_Tile|1
AAAAAGCAGAAATACTGTAAAGAACTTGTTGATGTCCATTTTAAATGTTGGGGATGCACA

>HPV92_Beta_27531786_nt1561_Genome_Tile|1
TTAAATGTTGGGGATGCACAGCTTATAGCTGATCCACCCAGATTTCGACGCGTAGTAGCA
>HPV92_Beta_27531786_nt1601_Genome_Tile|1
AGATTTCGACGCGTAGTAGCAGCTTTGTTTTGGTACAAAGAATCTATGAATAAAAATGTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1621_Genome_Tile|1
GCTTTGTTTTGGTACAAAGAATCTATGAATAAAAATGTATATACCCATGGAGAATACCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt1661_Genome_Tile|1
ATACCCATGGAGAATACCCAGAGTGGATAGCAAATCAAACATTGCTTTCTCATCAGGAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1681_Genome_Tile|1
GAGTGGATAGCAAATCAAACATTGCTTTCTCATCAGGAATATGAAACACAGCAATTTGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1701_Genome_Tile|1
ATTGCTTTCTCATCAGGAATATGAAACACAGCAATTTGATTTAAGTAGAATGATTCAGTG
>HPV92_Beta_27531786_nt1921_Genome_Tile|1
ATGAAAAATATGAGTATGTCAGCCTGGATTTATACTAGATTGAAATCAATTGAAGGACCA
>HPV92_Beta_27531786_nt1941_Genome_Tile|1
AGCCTGGATTTATACTAGATTGAAATCAATTGAAGGACCAGGCCATTGGTCAGACATTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt1961_Genome_Tile|1
TGAAATCAATTGAAGGACCAGGCCATTGGTCAGACATTGTTAAATTTATACGATTTTCAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt2001_Genome_Tile|1
TAAATTTATACGATTTTCAGCAGATTAATTTTATAATGTTTCTAGATGTATTCAAGCAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt2201_Genome_Tile|1
TATCTCCATTAGTAGAATCTAAATTCGACTACTAGATGATGCCACCGAGTGCTGTTGGA
>HPV92_Beta_27531786_nt2281_Genome_Tile|1
AGAAATGGAATAGATGGTAACATGGTTAGTGTGGATTGTAAGCATAAAAAATCCGGTCCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt2321_Genome_Tile|1
AGCATAAAAAATCCGGTCCAAATTAGATTTCCACCATTATTGATTACATCAAATAATAATA
>HPV92_Beta_27531786_nt2341_Genome_Tile|1
ATTAGATTTCCACCATTATTGATTACATCAAATAATAATATAATGTCTGATCCAAAGTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt2361_Genome_Tile|1
GATTACATCAAATAATAATATAATGTCTGATCCAAAGTATAAATATCTGCATAGTAGAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt2381_Genome_Tile|1
TAATGTCTGATCCAAAGTATAAATATCTGCATAGTAGAATTAAAGCATTGAGTTTGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt2401_Genome_Tile|1
AAATATCTGCATAGTAGAATTAAAGCATTGAGTTTGTAATAAGTTTCCATTTAAGGAC
>HPV92_Beta_27531786_nt2601_Genome_Tile|1
ACAAGTTAATGACAATTTATGAAAGAGCTAGTGAATCCTTAAAAGATCAAATTGAACATT
>HPV92_Beta_27531786_nt2621_Genome_Tile|1
GAAAGAGCTAGTGAATCCTTAAAAGATCAAATTGAACATTGGAACCTGTTAAGACAGGAG
>HPV92_Beta_27531786_nt2681_Genome_Tile|1
CAGGTGTTATTTTCATTATGCCAGACAAAAGAGGAGTATTGCGCCTTGGTTATCAGCCAGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt2701_Genome_Tile|1
CAGACAAAGAGGAGTATTGCGCCTTGGTTATCAGCCAGTACCTGCATTAAC TATTT CAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt2721_Genome_Tile|1
GCCTTGGTTATCAGCCAGTACCTGCATTAAC TATTT CAGAGGCTAAAGCTAAGGAAGCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt2741_Genome_Tile|1
CCTGCATTAAC TATTT CAGAGGCTAAAGCTAAGGAAGCCATTGCTATGGTTTTACATTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt2761_Genome_Tile|1
GGCTAAAGCTAAGGAAGCCATTGCTATGGTTTTACATTTAGAAGCATTGCAAAGATCACC
>HPV92_Beta_27531786_nt2781_Genome_Tile|1
TTGCTATGGTTTTACATTTAGAAGCATTGCAAAGATCACCTTACAAAAATGAAAAATGGA
>HPV92_Beta_27531786_nt2841_Genome_Tile|1
CATTAGTAAATACAAGTGTAGAAACGTTTCGCACACCCCCAGAAAATTGTTTTAAAAAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt2861_Genome_Tile|1
GAAACGTTTTTCGCACACCCCCAGAAAATTGTTTTAAAAAGGGCCCTAAGACTATTGAAATA
>HPV92_Beta_27531786_nt2901_Genome_Tile|1

GCCCTAAGACTATTGAAATAGTGTATGATGGCAATCCTGAAAATACAATGTTATACACTA
>HPV92_Beta_27531786_nt2921_Genome_Tile|1
GTGTATGATGGCAATCCTGAAAATACAATGTTATACACTATTTGGACACATATATATTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt2961_Genome_Tile|1
TTTGGACACATATATATTTTGAAGATGACGAAGGCAACTGGCAAAAGACTGAGGGACATT
>HPV92_Beta_27531786_nt2981_Genome_Tile|1
GAAGATGACGAAGGCAACTGGCAAAAGACTGAGGGACATTTGGACTATCATGGTGCCTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt3001_Genome_Tile|1
GCAAAAGACTGAGGGACATTTGGACTATCATGGTGCCTATTTTATGGATGGATTAAATAA
>HPV92_Beta_27531786_nt3021_Genome_Tile|1
TGGACTATCATGGTGCCTATTTTATGGATGGATTAAATAAACAATACTATATCAGATTTG
>HPV92_Beta_27531786_nt3041_Genome_Tile|1
TTTATGGATGGATTAAATAAACAATACTATATCAGATTTGCTCAAGACGCACGCAGATTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3061_Genome_Tile|1
ACAATACTATATCAGATTTGCTCAAGACGCACGCAGATTTAGTGAAACTGGAGAATGGGA
>HPV92_Beta_27531786_nt3221_Genome_Tile|1
CTTTCGCAGACATCCGGAGGACAGTCCCCTGTACCCACTCAACGGAAGCAACCATCTAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt3341_Genome_Tile|1
CCGAAAGCGTCACCGAGGAGATCAGATCGCGGTCAGGATCGAGATCGGGATCACAAGGA
>HPV92_Beta_27531786_nt3421_Genome_Tile|1
AGTCAGACGCGGAGAACGGGAACGGGGACAAGGAAGGGGACAAGGAAGCCGGGGTCGGGG
>HPV92_Beta_27531786_nt3441_Genome_Tile|1
AACGGGGACAAGGAAGGGGACAAGGAAGCCGGGGTCGGGGAAGGAGCGGGGACAGAAGCA
>HPV92_Beta_27531786_nt3581_Genome_Tile|1
AGAGCAGCCTCCAGAGGCCGTAGAGGGTACAGCAACAGGAGGTCAAGATCCAAATCTGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3601_Genome_Tile|1
TAGAGGGTACAGCAACAGGAGGTCAAGATCCAAATCTGTTGGCACAAGTGGCATAACCACC
>HPV92_Beta_27531786_nt3741_Genome_Tile|1
ATCCCCCAGTAATTTTGTGAAAGGACAAGCCAATACTCTTAAGTGTATCGCTACAGGG
>HPV92_Beta_27531786_nt3761_Genome_Tile|1
AAAGGACAAGCCAATACTCTTAAGTGTATCGCTACAGGGCTAAAGAAAAGTATAAAGGC
>HPV92_Beta_27531786_nt3781_Genome_Tile|1
TAAGTGTATCGCTACAGGGCTAAAGAAAAGTATAAAGGCTATTATGATTGCTTCAGTAC
>HPV92_Beta_27531786_nt3801_Genome_Tile|1
CTAAAGAAAAGTATAAAGGCTATTATGATTGCTTCAGTACTACATGGTCATGGGTCAGTG
>HPV92_Beta_27531786_nt3861_Genome_Tile|1
CAGGTAGCAACGATAGAATAGGACGCTCTAGAATGATTATTAGCTTTACCAGTAAATCTC
>HPV92_Beta_27531786_nt3921_Genome_Tile|1
AAAGACAAATGTTTTTAAGTATTATGAAATTACCAAAGGGCGTTGATTGGTCTCTTGGGT
>HPV92_Beta_27531786_nt3961_Genome_Tile|1
CGTTGATTGGTCTCTTGGGTGCTTTGACTCTATTTAACACACTAACCTTTCTAGTTTTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3981_Genome_Tile|1
GCTTTGACTCTATTTAACACACTAACCTTTCTAGTTTTTTTACTAACACATACGTTTCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt4241_Genome_Tile|1
CACTGGTGGTAGCACTGGATATGGGCCATTAGGTGAAGGGACGAGTGTAAGAGTTGGAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt4261_Genome_Tile|1
ATGGGCCATTAGGTGAAGGGACGAGTGTAAGAGTTGGAAATACACCCACAGTTATTAGGC
>HPV92_Beta_27531786_nt4321_Genome_Tile|1
CTGCTTTGGTGCCCTGAGGCTATAGGACCAAGTGAACATAATACCTATTGACAGTGTCAATC
>HPV92_Beta_27531786_nt4341_Genome_Tile|1
ATAGGACCAAGTGAACATAATACCTATTGACAGTGTCAATCCTATTGACCCCAGTGCTTCT
>HPV92_Beta_27531786_nt4361_Genome_Tile|1
ACCTATTGACAGTGTCAATCCTATTGACCCCAGTGCTTCTTCTATCATACCTTTAACAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt4381_Genome_Tile|1
CTATTGACCCCAGTGCTTCTTCTATCATACCTTTAACAGAGTCAACAGGTCCTGACCTCT

>HPV92_Beta_27531786_nt4401_Genome_Tile|1
TCTATCATACCTTTTAACAGAGTCAACAGGTCCTGACCTCTTACCAGGTGAAATAGAAACA
>HPV92_Beta_27531786_nt4461_Genome_Tile|1
ATTGCAGAGGTGCATCCTGCCCCTGACATACCTACAGTAGATACACCAGTGGTGACTGGG
>HPV92_Beta_27531786_nt4561_Genome_Tile|1
GTCCACCCACACGAAACAGAGTTAGTAGAACACAATATAACAATCCTGCATTTCAAATCA
>HPV92_Beta_27531786_nt4601_Genome_Tile|1
CAATCCTGCATTTCAAATCATATCTGAAACTACACCAAGTGCGGGGGAAACGTCCCTATC
>HPV92_Beta_27531786_nt4681_Genome_Tile|1
CATTTTGATGGTGGACAATATATAGGTGGTAACCCACCTCCGCGATCAGTAGTTGAAATAG
>HPV92_Beta_27531786_nt4701_Genome_Tile|1
ATAGGTGGTAACCCACCTCCGCGATCAGTAGTTGAAATAGAATTACAAGAAATTCCTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt4801_Genome_Tile|1
AAACAAGCACTCCTGTGACAGGCACAACAAATGGCCTCAGCATTACGGAGGGCTTTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt4841_Genome_Tile|1
AGCATTACGGAGGGCTTTATACAATAGAAGGTTTACACAGCAGGTTCAAGTGAAGATCC
>HPV92_Beta_27531786_nt4861_Genome_Tile|1
ACAATAGAAGGTTTACACAGCAGGTTCAAGTGAAGATCCAATGTTTTATAGTAGACCTT
>HPV92_Beta_27531786_nt4881_Genome_Tile|1
CAGGTTCAAGTGAAGATCCAATGTTTTATAGTAGACCTTCCAGGTTAGTTAGGTTTCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt5041_Genome_Tile|1
AACTTGGTAGGCCTACCTATGCTGAAACACCTGCAGGCTATATAAGGGTTAGCAGACTTG
>HPV92_Beta_27531786_nt5061_Genome_Tile|1
GCTGAAACACCTGCAGGCTATATAAGGGTTAGCAGACTTGGCAAACGAGCTACTATAAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt5081_Genome_Tile|1
TATAAGGGTTAGCAGACTTGGCAAACGAGCTACTATAAGGACCAGGTCTGGAACACAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt5121_Genome_Tile|1
ACCAGGTCTGGAACACAATAGGCGGTGAGGTACATTTTTTTTAGGGATATTAGCAGTATT
>HPV92_Beta_27531786_nt5141_Genome_Tile|1
AGGCGGTGAGGTACATTTTTTTTAGGGATATTAGCAGTATTGATACTCAACCTTCTATTGA
>HPV92_Beta_27531786_nt5161_Genome_Tile|1
TTAGGGATATTAGCAGTATTGATACTCAACCTTCTATTGAACTGCAAGTTCTTGGGGAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt5241_Genome_Tile|1
GTCCAGGGTCCTGTGGAAAGTACGTTTCGTAAATATTGATTTGGAAGAGTTACCTAATTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt5281_Genome_Tile|1
TGGAAGAGTTACCTAATTTAGAGGAAAATGTACACCTAGAATCTGATGATATACTTATTG
>HPV92_Beta_27531786_nt5381_Genome_Tile|1
TGGAAATTCTAGAAGATCAAATACTGTTACATTACCTCGCTTTGAAACTGTAAGGGAAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt5401_Genome_Tile|1
ATACTGTTACATTACCTCGCTTTGAAACTGTAAGGGAAACTTCTTTATATACTGTAGATT
>HPV92_Beta_27531786_nt5421_Genome_Tile|1
TTTGAAACTGTAAGGGAAACTTCTTTATATACTGTAGATTTAGATGGATTCCATGTGTCT
>HPV92_Beta_27531786_nt5441_Genome_Tile|1
TTCTTTATATACTGTAGATTTAGATGGATTCCATGTGTCTTATCCTGAGAGTAGAGCGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt5461_Genome_Tile|1
TAGATGGATTCCATGTGTCTTATCCTGAGAGTAGAGCGTATCCAGAAGTTATTCCTACAG
>HPV92_Beta_27531786_nt5481_Genome_Tile|1
TATCCTGAGAGTAGAGCGTATCCAGAAGTTATTCCTACAGAACCAGATAATACCCCAACA
>HPV92_Beta_27531786_nt5641_Genome_Tile|1
TCCTATTGGCTTCCAGCAAATGGTAAGGTATACTTACCCCTTCAACACCGGTTGCAAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt5761_Genome_Tile|1
CGCCTGCTGACAGTTGGACACCCTTATTTTGAAGTGAGAAGCTCAGTTGATCCACATGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6041_Genome_Tile|1
ATAAGTACAATACTGGAACAAAGGATGACAGAGTAAACACATCTTTTGATCCAAAGCAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6081_Genome_Tile|1

ATCTTTTGGATCCAAAGCAAATTCAGTTATTTGTTTTAGGATGTACACCATGCTTAGGTGA
>HPV92_Beta_27531786_nt6161_Genome_Tile|1
CATGTGCTGAAAAGCAACCAGATACTGGGGGATGCCACCATTAGAGTTAAAAAAGCTG
>HPV92_Beta_27531786_nt6221_Genome_Tile|1
TTATCTCTGATGGAGATATGGTTGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6241_Genome_Tile|1
GTTGACATAGGCTTCGGTAATATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt6261_Genome_Tile|1
TATGAATTTTAAGGCCTTATCAGTAACCAAATCTGACGTAAGTTTGGATATAGTAGACTC
>HPV92_Beta_27531786_nt6441_Genome_Tile|1
GGGTGATACCATCCCAGATGCAGTTGTAAATGAAGACCATAACTTTATGTTACCTGCAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt6461_Genome_Tile|1
CAGTTGTAAATGAAGACCATAACTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTAGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6481_Genome_Tile|1
AACTTTATGTTACCTGCAGCATCCAGTGACCAGTCTAGAAGTCAAATTGCCAGTTCTATC
>HPV92_Beta_27531786_nt6641_Genome_Tile|1
GCTGGAGTAATGAAGTGTCTGACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTAACTTTAATA
>HPV92_Beta_27531786_nt6661_Genome_Tile|1
CTGACAGTTTGTGATAATACCAGGAATACTAACTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6681_Genome_Tile|1
CAGGAATACTAACTTTAATATTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGA
>HPV92_Beta_27531786_nt6701_Genome_Tile|1
TTAGTGTCCCTAAGGAAGGTGGTCAAATAACCGACTATGATTCACAAAAGATTAGAGAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6721_Genome_Tile|1
GGTCAAATAACCGACTATGATTCACAAAAGATTAGAGAATACACTAGACATGTTGAAGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6741_Genome_Tile|1
TTCACAAAAGATTAGAGAATACACTAGACATGTTGAAGAATATGAAATATCACTAATATT
>HPV92_Beta_27531786_nt7061_Genome_Tile|1
CATTGGGTAGAAAATTTTTATTTCAAGCTGGATTAACTAATACATCTGTTAATGGTCTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt7081_Genome_Tile|1
TTTCAAGCTGGATTAACTAATACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCT
>HPV92_Beta_27531786_nt7101_Genome_Tile|1
TACATCTGTTAATGGTCTTAAAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7121_Genome_Tile|1
AAAGAACTAGAAGCAGTTCTCAAAGAGGTACTAAACGAAAAAGAAAAAGTAACTAAACG
>HPV92_Beta_27531786_nt7141_Genome_Tile|1
CAAAGAGGTACTAAACGAAAAAGAAAAAGTAACTAAACGGTCAGTATTCTTTATTGAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7201_Genome_Tile|1
ATAAAATTTTTGGAATCATGTGTATGAGTAATGATTATTATCTATTCTGACTAACTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt7241_Genome_Tile|1
TATCTATTCTGACTAACTCAAACATGTTAACCGCGCCCGGTGTATTCAATATAAACGCTG
>HPV92_Beta_27531786_nt7261_Genome_Tile|1
AACATGTTAACCGCGCCCGGTGTATTCAATATAAACGCTGATGGTACAAGTTGTCAAGGA
>HPV92_Beta_27531786_nt7281_Genome_Tile|1
TGTATTCAATATAAACGCTGATGGTACAAGTTGTCAAGGAACCTGGCAGTCTGAACTACA
>HPV92_Beta_27531786_nt7301_Genome_Tile|1
ATGGTACAAGTTGTCAAGGAACCTGGCAGTCTGAACTACAGTGGTGCCAACACCTGGAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt0001_Genome_Tile|1
CCACATTCGTTCCAGCTACATTTTGGCGCCAACCTCTTTGGCAGCAACACCAGAACGATAA
>HPV49_Beta_9627363_nt0081_Genome_Tile|1
CGGTACATTATACTTAGTCATCTCTTGTGGTTGTTAACAACATCTTGAAACAGATATA
>HPV49_Beta_9627363_nt0121_Genome_Tile|1
ACAATCTTGAAACAGATATACATGTAAACCGCTTGCGTGCTGTACTTTCTTTATTCTTGGA
>HPV49_Beta_9627363_nt0221_Genome_Tile|1
TGTGAGCTAGCCCACCACTTAAATATACCTATTTGGGAAGTTTTGCTTCCTTGTAATTTT

>HPV49_Beta_9627363_nt0241_Genome_Tile|1
AAATATACCTATTTGGGAAGTTTTGCTTCCTTGTAATTTTTGCACGGGGTTTCTAACATA
>HPV49_Beta_9627363_nt0261_Genome_Tile|1
TTTTGCTTCCTTGTAATTTTTGCACGGGGTTTCTAACATATCAGGAGTTGTTAGAATTTG
>HPV49_Beta_9627363_nt0301_Genome_Tile|1
TCAGGAGTTGTTAGAATTTGACTATAAAGACTTTAATTTGCTGTGGAAAGACGGATTTGT
>HPV49_Beta_9627363_nt0321_Genome_Tile|1
ACTATAAAGACTTTAATTTGCTGTGGAAAGACGGATTTGTCTTTGGTTGTTGTGCAGCTT
>HPV49_Beta_9627363_nt0341_Genome_Tile|1
CTGTGGAAAGACGGATTTGTCTTTGGTTGTTGTGCAGCTTGTGCCTATAGATCAGCATAT
>HPV49_Beta_9627363_nt0381_Genome_Tile|1
GTGCCTATAGATCAGCATATCACGAGTTTACTAATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGGCA
>HPV49_Beta_9627363_nt0401_Genome_Tile|1
CACGAGTTTACTAATTATCACCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAAATAGAAGGACGAGCA
>HPV49_Beta_9627363_nt0421_Genome_Tile|1
CCAAGAAATTGTCGTAGGCATCGAAATAGAAGGACGAGCAGCGGCTAATATTGCTGAGAT
>HPV49_Beta_9627363_nt0441_Genome_Tile|1
TCGAAATAGAAGGACGAGCAGCGGCTAATATTGCTGAGATAGTAGTCAGATGTCTCATTT
>HPV49_Beta_9627363_nt0481_Genome_Tile|1
AGTAGTCAGATGTCTCATTTGCCTTAAGAGGCTAGATTTGTTGGAAAAGCTTGATATTTG
>HPV49_Beta_9627363_nt0801_Genome_Tile|1
CAGACTGCGAGTCTTCGTGTTAGCCACTGACGCTGCTATTAGAAGTTTCCAAGAACTGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt0821_Genome_Tile|1
TAGCCACTGACGCTGCTATTAGAAGTTTCCAAGAACTGCTTCTGGAGGAACTGCAATTCT
>HPV49_Beta_9627363_nt1001_Genome_Tile|1
TTGGAACAATTATTTGATGAAAGCCCCAAAGTCCAATATTTCAAATTTGTTAAATGATGAG
>HPV49_Beta_9627363_nt1581_Genome_Tile|1
TGTGGATAAATATAAATGGGATTATGACTTTATATTTACTGTGTTTTAATCATGCAAAGA
>HPV49_Beta_9627363_nt1621_Genome_Tile|1
GTGTTTTAATCATGCAAAGAGTAGAGAACTGTTGGTAGATTGCTTATGTCAATACTGGA
>HPV49_Beta_9627363_nt2121_Genome_Tile|1
AGTTTATAAGATTTCAAGAAATAAACTTTATAATATTTCTGGATGCATTTAAACAGTTTA
>HPV49_Beta_9627363_nt2141_Genome_Tile|1
ATAAACTTTATAATATTTCTGGATGCATTTAAACAGTTTATACATGGCAAACCTAAAAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt2241_Genome_Tile|1
CAATGTTTGCTATGTCATTATTAAGTTTAAAAAGGCAAGGTAATTTTCATTTGTAAATG
>HPV49_Beta_9627363_nt2441_Genome_Tile|1
CATAAAACCCCTATGCAAATTAGGTTCCCAACCATTTGTTAATAAATTCAAATTATAATATT
>HPV49_Beta_9627363_nt2501_Genome_Tile|1
AAAGCTAATGATAAATATAAGTTTTTGTACAGTAGAATTGCAATATTTGAATTTAAACAT
>HPV49_Beta_9627363_nt2781_Genome_Tile|1
AAACTGTTAAGACAGGAACAAGCTTTATTATTTTTTGCACGTAAACACAGCATAATGAGA
>HPV49_Beta_9627363_nt2801_Genome_Tile|1
AGCTTTATTATTTTTTGCACGTAAACACAGCATAATGAGACTGGGGTATCAACCCGTACC
>HPV49_Beta_9627363_nt2841_Genome_Tile|1
CTGGGGTATCAACCCGTACCTCCGATGGCAGTATCTGAAACCAAAGCCAAACAAGCTATT
>HPV49_Beta_9627363_nt2861_Genome_Tile|1
TCCGATGGCAGTATCTGAAACCAAAGCCAAACAAGCTATTGGCATGATGCTAACTTTGCA
>HPV49_Beta_9627363_nt2981_Genome_Tile|1
AACATACAATGCACCACCAGCACAGTGCTTTAAAAAAGGTCCTTATAATATAGAAGTTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt3121_Genome_Tile|1
AAAAGGTGCAAGGTGAGGTGATTATGCAGGTGCATATTATAAGGATGGAACCTATCAAAC
>HPV49_Beta_9627363_nt3141_Genome_Tile|1
GATTATGCAGGTGCATATTATAAGGATGGAACCTATCAAACAGTATTATGTTACCTTCGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt3641_Genome_Tile|1

AGGATCTGTCACAACCTCCAGAGATTCCAGCCCCAAGAGAACCCGCAGGGGCAGAGGGAG
>HPV49_Beta_9627363_nt4041_Genome_Tile|1
CGTATGCTTTTAAAGTTTACTTCAAACAGCACTAGATCACAGTATGTTAAAATTATGAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt4161_Genome_Tile|1
ATACTAACGGTGCCTTGCACTACTAACACATTAATCTTTTAACATTTTTATATTGCTTTTT
>HPV49_Beta_9627363_nt4181_Genome_Tile|1
ACTAACACATTAATCTTTTAACATTTTTATATTGCTTTTTTATTTTTATATAATGGTGCG
>HPV49_Beta_9627363_nt4481_Genome_Tile|1
TCCAAGTGTTGTTTCGTCCAGGTATACTCCCTGAGGCTATTGGTCCGGCGGATATCATTCC
>HPV49_Beta_9627363_nt4701_Genome_Tile|1
GGCTCCAGTGCTGTATTGGAGGTTGCCTCTGAACCCACACCACCCACTCGCACCAGAATT
>HPV49_Beta_9627363_nt4721_Genome_Tile|1
GGTTGCCTCTGAACCCACACCACCCACTCGCACCAGAATTTCCAGAACACAGTACCATAA
>HPV49_Beta_9627363_nt4741_Genome_Tile|1
CACCCACTCGCACCAGAATTTCCAGAACACAGTACCATAATCCCTCTTTTCAAATATTAA
>HPV49_Beta_9627363_nt4821_Genome_Tile|1
GGAGAATCTGCATTAACCTGATCATGTTGTTGTTACTAGTGGTCTGGTGGTCAACCAATA
>HPV49_Beta_9627363_nt4841_Genome_Tile|1
TCATGTTGTTGTTACTAGTGGTCTGGTGGTCAACCAATAGGTGGAGTTACACCAGTTGA
>HPV49_Beta_9627363_nt4861_Genome_Tile|1
GTTCTGGTGGTCAACCAATAGGTGGAGTTACACCAGTTGAAATAGAATTACAAGAACTTC
>HPV49_Beta_9627363_nt5021_Genome_Tile|1
ACTATATAATAGGCGACTTACTCAACAAGTAAATGTCCAGGATCCATTATTCTTACAACA
>HPV49_Beta_9627363_nt5181_Genome_Tile|1
GACAGAGACTTTTTAGATATAGCAAAATTAAGCCGCCCTCTTTACTCTGAAACACCACAG
>HPV49_Beta_9627363_nt5201_Genome_Tile|1
AGCAAAATTAAGCCGCCCTCTTTACTCTGAAACACCACAGGGATATGTCAGGGTAAGCCG
>HPV49_Beta_9627363_nt5221_Genome_Tile|1
TTTACTCTGAAACACCACAGGGATATGTCAGGGTAAGCCGCTTAGGTAATAGGGCTTCTA
>HPV49_Beta_9627363_nt5241_Genome_Tile|1
GGATATGTCAGGGTAAGCCGCTTAGGTAATAGGGCTTCTATTAGAACACGTAGTGGAGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt5281_Genome_Tile|1
TTAGAACACGTAGTGGAGCTACAGTAGGGGCTCAAGTGCATTTTTATACAGATCTTAGCA
>HPV49_Beta_9627363_nt5301_Genome_Tile|1
ACAGTAGGGGCTCAAGTGCATTTTTATACAGATCTTAGCACAATCGATGCAGAGGAGTCT
>HPV49_Beta_9627363_nt5321_Genome_Tile|1
TTTTTATACAGATCTTAGCACAATCGATGCAGAGGAGTCTATAGAGTTATCACTATTAGG
>HPV49_Beta_9627363_nt5421_Genome_Tile|1
GAAAGCTCATTTGTAGATTTAAATGTTTCAGGAACTGCCTCAAGTAATAGAAGTAGACCCA
>HPV49_Beta_9627363_nt5441_Genome_Tile|1
AAATGTTTCAGGAACTGCCTCAAGTAATAGAAGTAGACCCAGAACCTACTTTCCACTCTGA
>HPV49_Beta_9627363_nt5461_Genome_Tile|1
AAGTAATAGAAGTAGACCCAGAACCTACTTTCCACTCTGATGATTTGCTACTGGATGAGC
>HPV49_Beta_9627363_nt5521_Genome_Tile|1
AAAATGAAGATTTTTCTGGCTCCCAGTTAGTTTATGGTAGTGGCAGGCGTTCTACCACAT
>HPV49_Beta_9627363_nt5541_Genome_Tile|1
TCCCAGTTAGTTTATGGTAGTGGCAGGCGTTCTACCACATTTACTGTACCCCGCTTCTCT
>HPV49_Beta_9627363_nt5561_Genome_Tile|1
TGGCAGGCGTTCTACCACATTTACTGTACCCCGCTTCTCTACTCCCAGATCTGATACCTT
>HPV49_Beta_9627363_nt5581_Genome_Tile|1
TTACTGTACCCCGCTTCTCTACTCCCAGATCTGATACCTTTTATGTACAAGATTTGGAAG
>HPV49_Beta_9627363_nt5601_Genome_Tile|1
ACTCCCAGATCTGATACCTTTTTATGTACAAGATTTGGAAGGTTATGCTGTGTCATATCCT
>HPV49_Beta_9627363_nt5621_Genome_Tile|1
TTATGTACAAGATTTGGAAGGTTATGCTGTGTCATATCCTGAACGAAGGAATTATCCAGA

>HPV49_Beta_9627363_nt5661_Genome_Tile|1
GAACGAAGGAATTATCCAGAAATTATTTATCCTCAACCCGATTTGCCAACTGTAATAATT
>HPV49_Beta_9627363_nt5681_Genome_Tile|1
AATTATTTATCCTCAACCCGATTTGCCAACTGTAATAATTCATACTGCAGATACCTCTGG
>HPV49_Beta_9627363_nt5701_Genome_Tile|1
ATTTGCCAACTGTAATAATTCATACTGCAGATACCTCTGGGGACTTCTATTTACATCCAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt0061_Genome_Tile|1
CATATATAAGTGCCTGCAGTACACTGCTGGACAGATTGGGAAATGTTTTTTCCCAATCCTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt0281_Genome_Tile|1
ACTTGGGGTATGTCAACCGTGTTTACTGTTTACTCAAAGGTTAGACAATATAGAAGATA
>HPV34_Alpha_9627334_nt0301_Genome_Tile|1
GTTTACTGTTTACTCAAAGGTTAGACAATATAGAAGATATAACCAATCAGTGTATGGAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt0321_Genome_Tile|1
GTTAGACAATATAGAAGATATAACCAATCAGTGTATGGACGGACGTTAGAGAATTTAACT
>HPV34_Alpha_9627334_nt1141_Genome_Tile|1
TAAAAGACATGAATTGAAACACAAACAGCGTAGTCCACATATATTGACGATAAGGGACAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt1161_Genome_Tile|1
ACAAACAGCGTAGTCCACATATATTGACGATAAGGGACACTAATACTACATCTACACACC
>HPV34_Alpha_9627334_nt1181_Genome_Tile|1
ATATTGACGATAAGGGACACTAATACTACATCTACACACCTATTGTGTGAGGAACAAGAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt1301_Genome_Tile|1
TGTTTACAAAGTACTAGCAGTAGTAACAACGGCAGCCAAATGGCGTCGCCAGGGGAAACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt1401_Genome_Tile|1
TGGAAAGCACACCTATAACGGACATTACAAACATATTAAGTAGTAATGTAAAGGCAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt1421_Genome_Tile|1
GACATTACAAACATATTAAGTAGTAATGTAAAGGCAACATTATTAGCAAAATTTAAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt1581_Genome_Tile|1
CATTGGCAGAAAGTTTAAATCATTACTAACCCAATATTGCCTATACATACATCTACAAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt1621_Genome_Tile|1
CCTATACATACATCTACAATGTTTAAACATGTTTCGTGGGGTATAATAGTATTATTGTTAGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt2161_Genome_Tile|1
GAAACATATTGTGCAATTTTTAAGATATCAGCAGGTTGAATTTGTACCGTTTTTAATTGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt3121_Genome_Tile|1
TGCAATATGTGGTATGGACATTTGTGTATTATTGGTTGGAAGGCAAGTGGTATAAAGTGA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3141_Genome_Tile|1
TTTGTGTATTATTGGTTGGAAGGCAAGTGGTATAAAGTGAGTAGCCATGTAGATTATAAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt3161_Genome_Tile|1
AGGCAAGTGGTATAAAGTGAGTAGCCATGTAGATTATAATGGTATATATTATGAAACACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3221_Genome_Tile|1
GGACAATGAAAAGGTATATTATACACAATTTGACAGAGATGCAAAACGATATGGGGTTAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3441_Genome_Tile|1
TGTGACCCAGACGAGGGGCCCTTGGACTTTGTACATAACCTACAGCCCACAACAGACTCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3661_Genome_Tile|1
GTGGTGTAAATTACATTTATGTTTCCAGTACATCCCAACAAAAACAATTTTACAATGTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt3701_Genome_Tile|1
AAAACAATTTTACAATGTGCTAAAATACCACCAACTATATCAGTGTATCAGGGTATAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt3761_Genome_Tile|1
GTCCATATAACACAAATATGTAACATTGGTTACAATTGTATACATTGGTATACTGTATAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3781_Genome_Tile|1
TAACATTGGTTACAATTGTATACATTGGTATACTGTATAATGTATGATCATTTTTTATAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt3901_Genome_Tile|1
TGTGTGTTTATGCATGGTTATTGCTTTTGTATTATAATTACTTTTTTACATGTGTCCCAAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt3921_Genome_Tile|1
TTGCTTTTGATTATAATTACTTTTTTACATGTGTCCCAATCCCTGTTAAAAGTATATATA
>HPV34_Alpha_9627334_nt4341_Genome_Tile|1

CTACTCCATCTAGACCAGTTGAAATTCCTTTGCAACCTACCAGACCTCCTGTTATTACAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt4441_Genome_Tile|1
GGAGTCAAGTTTTATTGAAGCTGGTGTGCCAGGTCCTACCTCCATAGTGCCTTCTAGTTC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5141_Genome_Tile|1
CTGCCTTCTGCATCTGCTACTGTAACAGATGCTAATGGCATTAAATGATGGGCTATATGAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5161_Genome_Tile|1
TGTAACAGATGCTAATGGCATTAAATGATGGGCTATATGATGTATTGTTAGATAATAATGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5201_Genome_Tile|1
GTATTGTTAGATAATAATGTAGATATTACTGAAGTGGAACACCTACTGGTACAAACACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5241_Genome_Tile|1
CACCTACTGGTACAAACACACAAAGTGTTTTTGCAAGTGAGATTTCCACTACAACCTGCAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5261_Genome_Tile|1
CAAAGTGTTTTTGCAAGTGAGATTTCCACTACAACCTGCAAATACCACTATTCCTTTAAAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5341_Genome_Tile|1
TGGCCCTGATATTGCTTTACCTGTACCTACTGCAGAAACCATTTTACCCCAACTGTACC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5421_Genome_Tile|1
TATATATATATGGGTCCGATTTTATATTGCATCCTAGCTTGTATGTCATTCCACGCAAAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5881_Genome_Tile|1
TTGAGGATACTGAAAATGCTGCAAAATATATTGGTGGAACATAGCAGATAGTAGGGAGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt5901_Genome_Tile|1
GCAAAATATATTGGTGGAACATAGCAGATAGTAGGGAGTGTATGTCAGTAGATTATAAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt6541_Genome_Tile|1
CACAATCCACAAGTACAACCTGCACCATATGCAAACAGTAATTTTAAGGAATACCTCAGAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt7061_Genome_Tile|1
GTATATGTTTGTGTATGTGTATTGTGTGTTTGTATATGTTATGTAATGTATGTATTATTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt7081_Genome_Tile|1
ATTGTGTGTTTGTATATGTTATGTAATGTATGTATTATTGTATTGTTGTATGTGGTGTGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt7301_Genome_Tile|1
CTTTCGGTTGCCTATACTATAACATGTTTGGTCTGTTTGTGCTGTTTGTAGCACAAAGGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt7321_Genome_Tile|1
AACATGTTTTGGTCTGTTTGTGCTGTTTGTAGCACAAAGGTTTAATGTGTTTTGGCTTCCT
>HPV34_Alpha_9627334_nt7401_Genome_Tile|1
TCAAGCACTTAGGATTAACATGCTTCCTGCTTATGTTTCATCCTACGCAAGGTCATACAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt7601_Genome_Tile|1
CATTGTATTTTACATGCCAGGTAATTGTTGAAAACCTGACTAAGCAGTGCTTACTCATTTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt7621_Genome_Tile|1
GTAATTGTTGAAAACCTGACTAAGCAGTGCTTACTCATTTTGCACCTGGACTGTTAAACCG
>HPV34_Alpha_9627334_nt7661_Genome_Tile|1
GCACCTGGACTGTTAAACCGTTTTGGATCACACAGTGTACCAACCCCTTTTATAATTATAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0181_Genome_Tile|1
TACAAATCTGCTGTATTTGGTGTAAAAACCACTTAACCAGTGCTGAAGCGTATGCATATC
>HPV32_Alpha_9627327_nt0201_Genome_Tile|1
TGTA AAAAACCCTTAACCAGTGCTGAAGCGTATGCATATCATTTTAAAGATTTGCACGTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0221_Genome_Tile|1
TGCTGAAGCGTATGCATATCATTTTAAAGATTTGCACGTAGTGTGAAGAAAGGCTTTCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt0261_Genome_Tile|1
GTGTGAAGAAAGGCTTTCCATATGCCGCTGTGCCTTCTGCTTAGAATTTTATTCTAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0361_Genome_Tile|1
ATACAGTAGAACAAGAAACAGGACTACTGTTGGAAGAACAATAATTCGCTGTGCTATAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt0401_Genome_Tile|1
AATAATTCGCTGTGCTATATGTCAAAAGCCTTTATCGCCAAGTGAGAAAGATCATCATAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt0421_Genome_Tile|1
GTCAAAAAGCCTTTATCGCCAAGTGAGAAAGATCATCATATTTATAACGGACGGCATTTCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0441_Genome_Tile|1
AGTGAGAAAGATCATCATATTTATAACGGACGGCATTTTCAGATTCATTTTAAATAGGTGG

>HPV32_Alpha_9627327_nt0521_Genome_Tile|1
CAGAGAATAATGCGTGGAAACGCACCAACGCTAAAGGACATTATTTTGTATGACCTGCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0961_Genome_Tile|1
AATGTAGAGGACAGCGGGTTGGACCTCGTAGATTTTGTAGACGACAGCAGAATAATACCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt1001_Genome_Tile|1
ACGACAGCAGAATAATACCTACAAATCAATTAAAGGCGCAGGCATTATTAAATAGGCAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt1681_Genome_Tile|1
AAGAATCGCACCACAGTGTCTAAAGGAATGTGCAAACCTATTAAATATACCTGCTAATCAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt2081_Genome_Tile|1
AACGTATGTCAATGCCACAGTGGATTAAACATAGAAGTGAAAGAACTGGCGATAATGGTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt2781_Genome_Tile|1
AAGATAGTAAACATTTAGAAAAACATGTGCAGCACTGGAAGTGTTTACGCATAGAAGCAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt2821_Genome_Tile|1
GTGTTTACGCATAGAAGCAGCCTTATTATTTAAGGCTCGTGAAATGGGCTATGCACAAGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3341_Genome_Tile|1
GCAGAGGTATCCTCTTCTGGACTTACTGAATTGGTACAAACCACCGACCTATACAACACC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3421_Genome_Tile|1
CACAAGGAGTAACTGCGACCCAGACGGCACAGACGGAATATTATACAAAGACCCCCACCCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3521_Genome_Tile|1
CCACCAACAAAGCACCTGCAGCACTACGGCGTCACAAACGTACCCGTGGACCCCGGATCG
>HPV32_Alpha_9627327_nt3541_Genome_Tile|1
GCACTACGGCGTCACAAACGTACCCGTGGACCCCGGATCGCAAAGGGTCACATCTGACAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3581_Genome_Tile|1
CAAAGGGTCACATCTGACAATAACAATAACCAGCGACGGAACCCGTGTGGAAATCAGACT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3661_Genome_Tile|1
AGGTGATCCTAATTGCCTAAAGTGTTTAAGGTGGAGGTTAAAGAAAAATTGTTCTCACTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3681_Genome_Tile|1
AGTGTTTAAGGTGGAGGTTAAAGAAAAATTGTTCTCACTTATTTACTCAAGTGTCATCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3701_Genome_Tile|1
AAGAAAAATTGTTCTCACTTATTTACTCAAGTGTCATCCACATGGCACCTGACAGAAAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3721_Genome_Tile|1
ATTTACTCAAGTGTCATCCACATGGCACCTGACAGAAAAAGACTATACACGTGACTCAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3761_Genome_Tile|1
GACTATACACGTGACTCAAAGGATGGTATAATAACAATTCATTATTATAATGAGGAACAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3781_Genome_Tile|1
GGATGGTATAATAACAATTCATTATTATAATGAGGAACAACGAGATAAGTTTTTAAGTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3801_Genome_Tile|1
ATTATTATAATGAGGAACAACGAGATAAGTTTTTAAGTACTGTAAAACTTCCTCCTGGTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3821_Genome_Tile|1
CGAGATAAGTTTTTAAGTACTGTAAAACTTCCTCCTGGTATTAAATCTTGCATTGGGTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3841_Genome_Tile|1
TGTAAAACTTCCTCCTGGTATTAAATCTTGCATTGGGTACATGTCAATGTTACAATTTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3861_Genome_Tile|1
TTAAATCTTGCATTGGGTACATGTCAATGTTACAATTTATGTAGTGTGTACATATGTACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3881_Genome_Tile|1
ATGTCAATGTTACAATTTATGTAGTGTGTACATATGTACAAACATATATAGGGGAACATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3901_Genome_Tile|1
GTAGTGTGTACATATGTACAAACATATATAGGGGAACATTACTGTGAGTCCACTATTGTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4081_Genome_Tile|1
CTATCTAATATTAGTACTATTGTCCTGGTTGCAGCTACTAACATCTGTGCAATTTTTTTTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4101_Genome_Tile|1
TGTCCTGGTTGCAGCTACTAACATCTGTGCAATTTTTTTTTTTTTAGCTTTGCTTGTGTGTTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4121_Genome_Tile|1
ACATCTGTGCAATTTTTTTTTTTTTAGCTTTGCTTGTGTGTGTTTCTGCCTTTTTTACTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4141_Genome_Tile|1

TTTAGCTTTGCTTGTGTTGTGTTTCTGCCTTTTTACTAACCCTATTAATACACTTTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4181_Genome_Tile|1
ACCCTATTAATACACTTTGCACTACATTAATGTAGAAGGTGTACATACAATAGTATAGCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4221_Genome_Tile|1
GTACATACAATAGTATAGCTGTGTGTGTGTGGTGTGCATGGTATACACAATAATTGTACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4241_Genome_Tile|1
GTGTGTGTGTGGTGTGCATGGTATACACAATAATTGTACATACGTGATAATATGGTACAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4301_Genome_Tile|1
TGTACTTTTAGAAAATGGCGATGTGTGGCTGCTGCTGTGGTTTTTAGCCACAGTGTATTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4321_Genome_Tile|1
TGTGTGGCTGCTGCTGTGGTTTTTAGCCACAGTGTATTATTTGTATATTAGTACTGTTGTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4341_Genome_Tile|1
TTTTTAGCCACAGTGTATTATTTGTATATTAGTACTGTTGTTAACTACTGCAGACATACGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4401_Genome_Tile|1
GTGTACATTGCTGTAAATAAAGTTGGGTTTTGTATTGTTTGTACCAAAGTGTATTATCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4421_Genome_Tile|1
AGTTGGGTTTTGTATTGTTTGTACCAAAGTGTATTATCAATGCCACCACACCGAAGTCG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4661_Genome_Tile|1
GCGCACAGGGTATGTGCCTATAGGAACACGACCGCCTGTTGTTGCAGAGCCGGGCCCTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4761_Genome_Tile|1
GACCCATCTGTAATTTCCTTATTGGAAGAGTCTGCAGTTATTGATTCTAGCATACCAGTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4781_Genome_Tile|1
ATTGGAAGAGTCTGCAGTTATTGATTCTAGCATACCAGTGCCTACCGACACGTCTCATGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4801_Genome_Tile|1
TTGATTCTAGCATACCAGTGCCTACCGACACGTCTCATGGTGGGTTTAATATTACGTCCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4821_Genome_Tile|1
CCTACCGACACGTCTCATGGTGGGTTTAATATTACGTCCTCTGCAAGTGGCCCGTCCTCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4841_Genome_Tile|1
TGGGTTTAATATTACGTCCTCTGCAAGTGGCCCGTCCTCTACACCTGCTGTATTGGACAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4901_Genome_Tile|1
TTCTCCTCCCACCAATACTATAAGGGTTGCATCTACTACGTCCCACAATCCAGTATACAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4961_Genome_Tile|1
TGATCCTTTTACTTTACGGCCTTCTTTGCCAGTAGAGGGTAATGGTAGACTCTTAACATC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4981_Genome_Tile|1
CTTCTTTGCCAGTAGAGGGTAATGGTAGACTCTTAACATCCCACCCAACAATAGCCCCCTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5001_Genome_Tile|1
AATGGTAGACTCTTAACATCCCACCCAACAATAGCCCCCTCATTCGTATGAGGAAATTCCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5041_Genome_Tile|1
ATTCGTATGAGGAAATTCCTATGGACACTTTTGTGGTATCCACAGATACAAGTAATACTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5061_Genome_Tile|1
ATGGACACTTTTGTGGTATCCACAGATACAAGTAATACTGTTACCAGTACCCCTATTCCCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5141_Genome_Tile|1
CCTTGGTTTATATACCAGGGTCACTCAACAACGTCCAGTTGCTACTACAACATTTTTTAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5201_Genome_Tile|1
ATCTCCCAGCGTTTGGTAACCTATGACAACCTGCATATGAGGGTCCTGCTGAGGGTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5221_Genome_Tile|1
CCTATGACAACCTGCATATGAGGGTCCTGCTGAGGGTACGTTGGAATTTGAACATCCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5241_Genome_Tile|1
GAGGGTCCTGCTGAGGGTACGTTGGAATTTGAACATCCCACCATTCATGAGGCTCCTGAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5301_Genome_Tile|1
TCTGATTTTATGGATATTATTGCATTACACCGTCCTGTGCTATCTGCTAGGCAGGGCACT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5321_Genome_Tile|1
TGCATTACACCGTCCTGTGCTATCTGCTAGGCAGGGCACTGTCCGTGTCAGTCGTATTGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5361_Genome_Tile|1
GTCCGTGTCAGTCGTATTGGGCAACGGGCTTCCTTGCAAACACGTAGTGGGGCTCGTATT

>HPV32_Alpha_9627327_nt5441_Genome_Tile|1
CCATGATATTAGCCCAATCACTAGGCCATCAGAGGCTATAGAATTGCAACCTTTAGGCTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5461_Genome_Tile|1
CTAGGCCATCAGAGGCTATAGAATTGCAACCTTTAGGCTCCTCCTCCACAGCTGTATCTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5481_Genome_Tile|1
GAATTGCAACCTTTAGGCTCCTCCTCCACAGCTGTATCTACTACTGCTTCATCCGCAATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5501_Genome_Tile|1
CTCCTCCACAGCTGTATCTACTACTGCTTCATCCGCAATTAATGATGGCCTGTTTGATGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5521_Genome_Tile|1
CTACTGCTTCATCCGCAATTAATGATGGCCTGTTTGATGTTTATGTTGACCCTGACATAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5541_Genome_Tile|1
AATGATGGCCTGTTTGATGTTTATGTTGACCCCTGACATACCTCCCTCACACGCGTTACCG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5581_Genome_Tile|1
CTCCCTCACACGCGTTACCGCCCTACGGTCCCCCACACACGTGTCAACTGTTTCTTTAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5621_Genome_Tile|1
CGTGTCAACTGTTTCTTTAACTAGTCTTGGTAGTGTTCTTGACAAACTGCAAATACAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5681_Genome_Tile|1
TGTCCCTCTTCTTACCTACAAATATTAATGTAGGCCCTGACCTTTCACCTCCTGAGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5701_Genome_Tile|1
CAAATATTAATGTAGGCCCTGACCTTTCACCTCCTGAGTCTCCGCCCTTTATTAGTACAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5721_Genome_Tile|1
GACCTTTCACCTCCTGAGTCTCCGCCCTTTATTAGTACACGTCCTGTATCACCTTCTTTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5741_Genome_Tile|1
TCCGCCCTTTATTAGTACACGTCCTGTATCACCTTCTTTTGA CTCTGTTATGGTATTAGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6001_Genome_Tile|1
GCTGTTGGGCATCCATATTATACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6021_Genome_Tile|1
TACTATTAAGAAGACACCCAATAGAACATCTATTCCAAAGGTGTCTGGATTGCAGTATAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt6361_Genome_Tile|1
ATTGGCGAGCATTGGGGTAAGGGTGCTGCTTGTCTGCACAATCAAATGGCGACTGCCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6481_Genome_Tile|1
GCAATGGACTTTAGTGCTTTGCAAACCTCAAAAGCTGAGGTGCCATTAGATATTATGAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6681_Genome_Tile|1
GGACATGTATATAAAAGCTTCTAATGGTGCTTCTGGCAGAAATAATTTAGCTAGTAGTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6901_Genome_Tile|1
GTGTGTGCTACTGTAACAACCTGAAGACACATACAAGTCTACTAACTTTAAGGAATATCTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7121_Genome_Tile|1
ATAGATTTGTGCAGTCTCAGGCCATACGATGTCAAGCTAAGGTAACAGCACCTGAAAAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7141_Genome_Tile|1
GCCATACGATGTCAAGCTAAGGTAACAGCACCTGAAAAAAAGGATCCTTTTTCTGACTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7281_Genome_Tile|1
AGCTGGGTACGTGCAAGACCTAACTTACAGCAGTAAAACGAACAGCATCTTCCAGTCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7301_Genome_Tile|1
CTAAACTTACAGCAGTAAAACGAACAGCATCTTCCAGTCAAAAGTCTTCTTCTCCTGCAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7441_Genome_Tile|1
ATATGTGTGTTTCGGTGTGCATATTAATAAAGTATGATTGTGTTTCATTGTATGTTGTTGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7461_Genome_Tile|1
ATATTAATAAAGTATGATTGTGTTTCATTGTATGTTGTTGTACCACCATTTTATTTTTTCAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7561_Genome_Tile|1
GGATAATGTCCATTAAATTTAGCAAGCAGATGCAGTTTTTTACTGCCAAATATATGTACTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt7621_Genome_Tile|1
CCAAATGGTATTGCTAAGTAGCAAAATGTTTTTACATACATAACATACACGCCCTTTTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7641_Genome_Tile|1
GCAAAATGTTTTTACATACATAACATACACGCCCTTTTGCACAAGCATGTTTTAGAAAGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt7661_Genome_Tile|1

TAACATACACGCCCTTTTGCACAAGCATGTTTTAGAAAGGTTGGCATAGCTTTGCATTTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7681_Genome_Tile|1
ACAAGCATGTTTTAGAAAGGTTGGCATAGCTTTGCATTTACTTATTTCCCTTCTTCCTTTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt7721_Genome_Tile|1
CTTATTTCCCTTCTTCCTTTGTTTCATGTTATGACTACTGTATTTGTTATGTATAATTAAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7801_Genome_Tile|1
TGGGTTTTTGGCACAGTACTTTACAAGTTACTCTGGCCTAGACAAGACTAGTGCTTTGTCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7821_Genome_Tile|1
TACAAGTTACTCTGGCCTAGACAAGACTAGTGCTTTGTCATGCCTTATATAACTAAGTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7841_Genome_Tile|1
ACAAGACTAGTGCTTTGTCATGCCTTATATAACTAAGTATTAGTCACTGACTGCATCTAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7861_Genome_Tile|1
TGCCTTATATAACTAAGTATTAGTCACTGACTGCATCTAATTAACTGTCAACCGAAATC
>HPV63_Mu_9626605_nt0021_Genome_Tile|1
TCTCTAGTTCTAACACGAACGTTTACGGTCGTTGCCAGCTTTTTCCCTTATAAACTCTGG
>HPV63_Mu_9626605_nt0041_Genome_Tile|1
GTTTACGGTCTGTTGCCAGCTTTTTCCCTTATAAACTCTGGTGGGAATTTCTCTTGGGACA
>HPV63_Mu_9626605_nt0061_Genome_Tile|1
TTTTCCCTTATAAACTCTGGTGGGAATTTCTCTTGGGACAGATGGACCTGACATCTGTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt0121_Genome_Tile|1
ATTCGGTTTCGGGATCTGAGTTCTGCTCTCCGTATCCCATTATTGATTTGGTTGTTCCCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt0161_Genome_Tile|1
TATTGATTTGGTTGTTCCCTTGCAATTTTTGCTTGAAATTTCTTACAAATGCTGAAAAATT
>HPV63_Mu_9626605_nt0181_Genome_Tile|1
GCAATTTTTGCTTGAAATTTCTTACAAATGCTGAAAAATTGCTGTTTGATTATTTTGACT
>HPV63_Mu_9626605_nt0221_Genome_Tile|1
GCTGTTTGATTATTTTGACTTGCTATCTGCGAGATAATTTTCGTGTTTGCTTGTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt0241_Genome_Tile|1
TGCATCTTATCTGGCGAGATAATTTTCGTGTTTGCTTGTTGTCAGTGCTGTGCTAGGCATG
>HPV63_Mu_9626605_nt0261_Genome_Tile|1
AATTTTCGTGTTTGCTTGTTGTCAGTGCTGTGCTAGGCATGTTAGTCTGCTTGAGTTTATG
>HPV63_Mu_9626605_nt0321_Genome_Tile|1
CTTTATTATCAGGAGTCTTTTCGAGGTATCTGAAGTAGAAGAATTACTTAATCAACCTCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt0341_Genome_Tile|1
CGAGGTATCTGAAGTAGAAGAATTACTTAATCAACCTCTTGTAATATTGGTTTAAGGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt0361_Genome_Tile|1
AATTACTTAATCAACCTCTTGTAATATTGGTTTAAGGTGTGTTACATGCACAAAAAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt0421_Genome_Tile|1
TGACTGTTTCAGAAAAGTTAGCTGTTGTTTCTGCTGGAGAAAGAGTTCATAAAGTAAGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt0441_Genome_Tile|1
GCTGTTGTTTCTGCTGGAGAAAGAGTTCATAAAGTAAGGAACAAATTCAAAGCAAAGTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt0461_Genome_Tile|1
AAGAGTTCATAAAGTAAGGAACAAATTCAAAGCAAAGTGCAGTTTGTGCAGACTCTACAT
>HPV63_Mu_9626605_nt0481_Genome_Tile|1
ACAAATTCAAAGCAAAGTGCAGTTTGTGCAGACTCTACATTATATAGTTTGTGCAGACTC
>HPV63_Mu_9626605_nt0521_Genome_Tile|1
TATATAGTTTGTGCAGACTCTATATAATTAACAATGGTGGGAGAGCAGCCAAATATAGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt0541_Genome_Tile|1
TATATAATTAACAATGGTGGGAGAGCAGCCAAATATAGGTGATTTGGTGAGTCAAGAAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt0561_Genome_Tile|1
GAGAGCAGCCAAATATAGGTGATTTGGTGAGTCAAGAAGAACCAAGCGTCCTAGATCTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt0581_Genome_Tile|1
GATTTGGTGAGTCAAGAAGAACCAAGCGTCCTAGATCTAAATTGTTATGAGGATATACCT
>HPV63_Mu_9626605_nt0621_Genome_Tile|1
ATTGTTATGAGGATATACCTGCTGAGGAGGAGGAGTCTGAATATCCATATGCAATTGTGC

>HPV63_Mu_9626605_nt0641_Genome_Tile|1
GCTGAGGAGGAGGAGTCTGAATATCCATATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt0661_Genome_Tile|1
ATATCCATATGCAATTGTGCTTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTG
>HPV63_Mu_9626605_nt0681_Genome_Tile|1
TTCCTTGTGGTTTGTGCGATCAGCTGTTAAGGCTGACCTGCGTTTCTGACCTGTCTACTC
>HPV63_Mu_9626605_nt0801_Genome_Tile|1
TTCGACACCAACGACACTAAGATGACCGACAGAGGTACAAATAATGATGATTGGTATATT
>HPV63_Mu_9626605_nt0841_Genome_Tile|1
ATAATGATGATTGGTATATTGTGGATGAGGCAGAATGTCTGGGATGATGATGAGAGCGAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt0881_Genome_Tile|1
GGATGATGATGAGAGCGAATTGGAGGATTTGGAGGACACCTATAATTCATTGTTTAATAG
>HPV63_Mu_9626605_nt0921_Genome_Tile|1
TATAATTCATTGTTTAATAGATCTGAAAGTGACATATCAGATCTATTAGACGATACGCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt0941_Genome_Tile|1
ATCTGAAAGTGACATATCAGATCTATTAGACGATACGCAGCAAAGTCAGGGAAATCCCT
>HPV63_Mu_9626605_nt1041_Genome_Tile|1
GACCTAAATACCTAAAACGAAAGTACTTAAACAGTCCCTCCGACGGCAAGTGCCACAGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt1061_Genome_Tile|1
AAAGTACTTAAACAGTCCCTCCGACGGCAAGTGCCACAGAGACTGCCTGCAATAGCCTCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt1081_Genome_Tile|1
CGCAGGCAAGTGCCACAGAGACTGCCTGCAATAGCCTCAGTCCCAGATTGGAATCTATAA
>HPV63_Mu_9626605_nt1121_Genome_Tile|1
TCCCAGATTGGAATCTATAACAATTTTCGACAGAGGAAAAAAGGCAAGAAAGCAACTATT
>HPV63_Mu_9626605_nt1161_Genome_Tile|1
AAGGCAAGAAAGCAACTATTTACACAAAATGACAGTGGCATAGAGTTATCGCTATGCCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt1181_Genome_Tile|1
TACACAAAATGACAGTGGCATAGAGTTATCGCTATGCCAGGATGAAGTTGACAATATTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt1261_Genome_Tile|1
TAGACATCGTACAGTCTCTGGGAGGTGGGGTGCGTGACTGTATAGGAGTGGACATTTTGA
>HPV63_Mu_9626605_nt1281_Genome_Tile|1
GGAGGTGGGGTGCGTGACTGTATAGGAGTGGACATTTTGAAATGCAGTAATACAAGATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt1301_Genome_Tile|1
TATAGGAGTGGACATTTTGAAATGCAGTAATACAAGATCTGCTCTACTTGCCAAATTTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt1321_Genome_Tile|1
AATGCAGTAATACAAGATCTGCTCTACTTGCCAAATTTAAAGACACAGTAGGTGTCAGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt1341_Genome_Tile|1
GCTCTACTTGCCAAATTTAAAGACACAGTAGGTGTCAGTTTTACTGACCTCACCAGAGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt1381_Genome_Tile|1
TTACTGACCTCACCAGAGCATACAAAAACAACAGACATGCTGTAGTTACTGGGTCATAG
>HPV63_Mu_9626605_nt1401_Genome_Tile|1
TACAAAAACAACAAGACATGCTGTAGTTACTGGGTCATAGCAGTGTGGGGAGTAACATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt1421_Genome_Tile|1
CTGTAGTTACTGGGTCATAGCAGTGTGGGGAGTAACATCTACGTCTGTGGACGTTGTGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt1441_Genome_Tile|1
CAGTGTGGGGAGTAACATCTACGTCTGTGGACGTTGTGAAAAGTGTATTCCAAGTTCAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt1461_Genome_Tile|1
ACGTCTGTGGACGTTGTGAAAAGTGTATTCCAAGTTCAGTGTAAATTATATGCATGTAGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt1481_Genome_Tile|1
AACTGTATTCCAAGTTCAGTGTAAATTATATGCATGTAGAACATTGTTTAACTGAAAAAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt1501_Genome_Tile|1
GTAATTATATGCATGTAGAACATTGTTTAACTGAAAAAAAATAAGTTTCTAATTGTATTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt1581_Genome_Tile|1
AGTAGAGAAACAGTGTTAAATCTCGTAACTAGCAGTTTGAATGTGCAAGTAATTACATA
>HPV63_Mu_9626605_nt1661_Genome_Tile|1

TAGAAGTATGGCGGCAGCGTTATATTGGTATAGGAGATCTATGTCTCCAGCTGTATATAC
>HPV63_Mu_9626605_nt1681_Genome_Tile|1
TATATTGGTATAGGAGATCTATGTCTCCAGCTGTATATACCTGGGGAGAAATGCCAGATT
>HPV63_Mu_9626605_nt1741_Genome_Tile|1
GGATGGCGCAGCAGACATTGTTGAATCATCAATTAGCATCAGAAAAGCATTTTGAATTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt1941_Genome_Tile|1
TGTGCTAGAATGGTTAGTCATTACAAAAGGGCAGAAATGAGTAGTATGTCTATGTCAGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt1961_Genome_Tile|1
TTACAAAAGGGCAGAAATGAGTAGTATGTCTATGTCAGCATGGATTTATAAAAGACTGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt1981_Genome_Tile|1
GTAGTATGTCTATGTCAGCATGGATTTATAAAAGACTGGAGGAAGTTGAAAATGGTGGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt2001_Genome_Tile|1
TGGATTTATAAAAGACTGGAGGAAGTTGAAAATGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2021_Genome_Tile|1
GGAAGTTGAAAATGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2041_Genome_Tile|1
ACTGGAACATATTGTAAAGTTCTTGAGGTTTCAAGAAGTAGAATTTATAAGTTTCATGA
>HPV63_Mu_9626605_nt2061_Genome_Tile|1
TTCTTGAGGTTTCAAGAAGTAGAATTTATAAGTTTCATGATAGCATTTAAGGAATTGTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt2101_Genome_Tile|1
TAGCATTTAAGGAATTGTTAAGTGGTAAACCAAAGAAAAATTGTCTTGTAATATATGGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt2161_Genome_Tile|1
CACCAAATACTGGTAAATCTATGTTTTGTATGAGTTTGTGAGAGTATTAAAAGGAAAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt2181_Genome_Tile|1
ATGTTTTGTATGAGTTTGTGAGAGTATTAAAAGGAAAAGTAATATCTTATGTAAATAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt2261_Genome_Tile|1
ACCACTAGCTAGCACTAAATAGCATTATTAGATGATGCAACAAAACAGCATGGGATTA
>HPV63_Mu_9626605_nt2301_Genome_Tile|1
ACAAAACAGCATGGGATTATATTGATTATTTTTGAGAAATGCTTTAGATGGGAATCCT
>HPV63_Mu_9626605_nt2401_Genome_Tile|1
AATGTCTCCACTTATGATAACTTCTAATATAAATGTTAAGGCTGATGTATGTTGGATGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2421_Genome_Tile|1
ACTTCTAATATAAATGTTAAGGCTGATGTATGTTGGATGTATTTACATAGTAGGATAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt2481_Genome_Tile|1
TGTTTTGAATTTAAACAACCTTTTCCATTTGATGAAAATGGTCAACCGGCATTTTCCTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt2641_Genome_Tile|1
TTAGACTGGCTACAAGAGCAGCTTCTAACTCTATATGAGAAAGACAGTAAAGATATTGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt2661_Genome_Tile|1
GCTTCTAACTCTATATGAGAAAGACAGTAAAGATATTGAAGATCAGATAATGCAGTGGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt2701_Genome_Tile|1
GATCAGATAATGCAGTGAATCTACTTAGACAGGAACAAGTGTTATTCCACTATGCCCCGA
>HPV63_Mu_9626605_nt2721_Genome_Tile|1
TCTACTTAGACAGGAACAAGTGTATTCCACTATGCCCCGAAAAAAGGGAATAATGCGACT
>HPV63_Mu_9626605_nt2761_Genome_Tile|1
AAAAAGGGAATAATGCGACTTGGCCTGCAAGTTGTGCCTTCCCTTGCAGCTTCCCAGGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt2801_Genome_Tile|1
CCCTTGCAGCTTCCCAGGATAAAGCAAAACAGCTATAGAAATGACTCTTATCTTAGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt2821_Genome_Tile|1
AAAGCAAAAACAGCTATAGAAATGACTCTTATCTTAGTGGCCTCAGAGACTCACAATAT
>HPV63_Mu_9626605_nt2901_Genome_Tile|1
ACAAGATACTAGCAGAGAAATCTTTTTAGCACCACAGATCATAACATTCAAAAAGGGAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt2921_Genome_Tile|1
TCTTTTTAGCACCACAGATCATAACATTCAAAAAGGGAGGGCAACAATTGAGGTAATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt2961_Genome_Tile|1
GCAACAATTGAGGTAATCTATGATGAGGATCCCAATAATAGCACCAGACATACTGTATG

>HPV63_Mu_9626605_nt2981_Genome_Tile|1
ATGATGAGGATCCCAATAATAGCACACACTGTATGGCGCCATATATATTATCAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt3061_Genome_Tile|1
AAAGCAGCTAGTGATGTAGATGTTTCATGGTGTGTTTTATTTAGAATATGATGGTGTCAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt3081_Genome_Tile|1
TGTTTCATGGTGTGTTTTATTTAGAATATGATGGTGTCAAAACTACTATGTTGACTTTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt3101_Genome_Tile|1
TAGAATATGATGGTGTCAAAACTACTATGTTGACTTTCAAGAAGAGGCCAATCGATATA
>HPV63_Mu_9626605_nt3121_Genome_Tile|1
AACTACTATGTTGACTTTCAAGAAGAGGCCAATCGATATAGCAAAACAGGTCGATATACT
>HPV63_Mu_9626605_nt3141_Genome_Tile|1
AGAAGAGGCCAATCGATATAGCAAAACAGGTCGATATACTGTTCAATATGAGGGTAAAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt3181_Genome_Tile|1
GTTCAATATGAGGGTAAAAGGTTTACAAATGTTATGTCTCCTGTCAATAGCTCCCCACTA
>HPV63_Mu_9626605_nt3221_Genome_Tile|1
CTGTCAATAGCTCCCCACTACGGACTTCTGGGTCTCCTACAGACACCAACCCAGCCACCC
>HPV63_Mu_9626605_nt3241_Genome_Tile|1
CGGACTTCTGGGTCTCCTACAGACACCAACCCAGCCACCCAAAGGACAATCCACCCAACT
>HPV63_Mu_9626605_nt3261_Genome_Tile|1
AGACACCAACCCAGCCACCCAAAGGACAATCCACCCAACTGCCAGAAAAGCAGAGACGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt3301_Genome_Tile|1
GCCAGAAAAGCAGAGACGAAGGGGTCTGAGACACCACCCGAAATCGCCGGCTGTTGCAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt3401_Genome_Tile|1
ATACCACCTCAGACGAGGAGAAGGAGAATCGGCCAGAGCCTCTGCCGGTAGTGGAGAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt3421_Genome_Tile|1
GAAGGAGAATCGGCCAGAGCCTCTGCCGGTAGTGGAGAACGGGTGGCATTTCATTTCTCCG
>HPV63_Mu_9626605_nt3441_Genome_Tile|1
CTCTGCCGGTAGTGGAGAACGGGTGGCATTTCATTTCTCCGGGAGACGTTGGAACATCAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt3521_Genome_Tile|1
GTCAATCAAGACTTCGAAGACTTATACAGGAGGCTCGGGATCCACCCATAATTTGTCTGA
>HPV63_Mu_9626605_nt3561_Genome_Tile|1
TCCACCCATAATTTGTCTGAAGGGGGCCCTAATCAACTTAAGTGCTTAAGGTATAGGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt3601_Genome_Tile|1
AAGTGCTTAAGGTATAGGATTAAAGCTTCAAATTCATCTGACTTTGAAAGTATCAGTACT
>HPV63_Mu_9626605_nt3621_Genome_Tile|1
TAAAGCTTCAAATTCATCTGACTTTGAAAGTATCAGTACTACATGGCATTGGGTACATAA
>HPV63_Mu_9626605_nt3641_Genome_Tile|1
ACTTTGAAAGTATCAGTACTACATGGCATTGGGTACATAATAAATGCACAGATAGAGTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt3661_Genome_Tile|1
ACATGGCATTGGGTACATAATAAATGCACAGATAGAGTAGGTCATGCACGTATGCTGGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt3681_Genome_Tile|1
TAAATGCACAGATAGAGTAGGTCATGCACGTATGCTGGTGCCTTTATATCAACAGAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt3701_Genome_Tile|1
GTCATGCACGTATGCTGGTGCCTTTATATCAACAGAACAACGTGACCGATTTTTAGATA
>HPV63_Mu_9626605_nt3721_Genome_Tile|1
CGTTTTATATCAACAGAACAACGTGACCGATTTTTAGATAAGGTGGTGGTGCCTAAATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt3781_Genome_Tile|1
GTTTCTGTTATTTTAGGGGCATTTGACGGTTCCTAAGGGTGGGTGTTGGGGTATATTTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt3801_Genome_Tile|1
ATTTGACGGTTCCTAAGGGTGGGTGTTGGGGTATATTTTGTAAATCATGTTAAGAGTACGT
>HPV63_Mu_9626605_nt3821_Genome_Tile|1
GGGTGTTGGGGTATATTTTGTAAATCATGTTAAGAGTACGTAAACGACGAGCTGCTCCACA
>HPV63_Mu_9626605_nt3841_Genome_Tile|1
TAATCATGTTAAGAGTACGTAAACGACGAGCTGCTCCACAAGATATTTATCCTGCTTGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt3861_Genome_Tile|1

AAACGACGAGCTGCTCCACAAGATATTTATCCTGCTTGTAAGGTTGCAAACAATTGCCCC
>HPV63_Mu_9626605_nt4041_Genome_Tile|1
TATGGTTATACACCTCTAGGGGACAGTGGTGCGGTGCGAGTTGGTGGCAGAAGTACACCT
>HPV63_Mu_9626605_nt4101_Genome_Tile|1
GTAAGACCAACAGTACCTGTGGAGACTGTAGGACCAAGGGATATATTACCTATAGATTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt4121_Genome_Tile|1
GGAGACTGTAGGACCAAGGGATATATTACCTATAGATTCATTGGATCCTTTAGGGCCCTC
>HPV63_Mu_9626605_nt4141_Genome_Tile|1
ATATATTACCTATAGATTCATTGGATCCTTTAGGGCCCTCAGTCATTGAACTAGAAGATA
>HPV63_Mu_9626605_nt4181_Genome_Tile|1
AGTCATTGAACTAGAAGATATTCCAGCCACAACAGTGGAAAGTAGTGGCTGAAGTGCATCC
>HPV63_Mu_9626605_nt4221_Genome_Tile|1
GTAGTGGCTGAAGTGCATCCCATATCTGATACTCCACAAATACCGGCACCTACTACTGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt4241_Genome_Tile|1
CATATCTGATACTCCACAAATACCGGCACCTACTACTGATGAATCTAGTTCAGCTGTTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt4261_Genome_Tile|1
TACCGGCACCTACTACTGATGAATCTAGTTCAGCTGTTCTTCATATTCCACAAGAAAGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt4281_Genome_Tile|1
GAATCTAGTTCAGCTGTTCTTCATATTCCACAAGAAAGTCCTGCTGCACGTACAATCACA
>HPV63_Mu_9626605_nt4301_Genome_Tile|1
TCATATTCCACAAGAAAGTCCTGCTGCACGTACAATCACACGTTCCCAATACAATAATCC
>HPV63_Mu_9626605_nt4341_Genome_Tile|1
CGTTCCCAATACAATAATCCTTTATTTCAGGATCACAGCTAGTGCAGACATAGCATCAGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt4361_Genome_Tile|1
TTTATTTCAGGATCACAGCTAGTGCAGACATAGCATCAGGTGAAGCTTCAGCATCTGATAA
>HPV63_Mu_9626605_nt4381_Genome_Tile|1
GTGCAGACATAGCATCAGGTGAAGCTTCAGCATCTGATAATATTTTATAGATGTAGATA
>HPV63_Mu_9626605_nt4401_Genome_Tile|1
GAAGCTTCAGCATCTGATAATATTTTATAGATGTAGATACGCCGGGTCAAATAGTAGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt4421_Genome_Tile|1
TATTTTATAGATGTAGATACGCCGGGTCAAATAGTAGGACAAGAAATACCACTAGTTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt4461_Genome_Tile|1
CAAGAAATACCACTAGTTAATTTTGATATGGGACCTATATCTACTGAAGGTGAGCTTGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt4501_Genome_Tile|1
CTACTGAAGGTGAGCTTGAAACTGAGTTCACAACCTAGTACACCAAGAACCACACAAGTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt4521_Genome_Tile|1
ACTGAGTTCACAACTAGTACACCAAGAACCACACAAGTACAGGAAAGGCCTACACGTTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt4541_Genome_Tile|1
ACCAAGAACCACACAAGTACAGGAAAGGCCTACACGTTTCTATAATAGACGCTATTATGA
>HPV63_Mu_9626605_nt4561_Genome_Tile|1
AGGAAAGGCCTACACGTTTCTATAATAGACGCTATTATGAACAAGTGCCAGTTACTGCAC
>HPV63_Mu_9626605_nt4601_Genome_Tile|1
ACAAGTGCCAGTTACTGCACCTGAATTTATCACAAGGCCTGCTTCCTTAGTTACTTTTGA
>HPV63_Mu_9626605_nt4621_Genome_Tile|1
CTGAATTTATCACAAGGCCTGCTTCCTTAGTTACTTTTGAGAATCCTGCATTTGAAAGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt4641_Genome_Tile|1
GCTTCCTTAGTTACTTTTGAGAATCCTGCATTTGAAAGGAGTGTTCCTTGATTTTGA
>HPV63_Mu_9626605_nt4661_Genome_Tile|1
GAATCCTGCATTTGAAAGGAGTGTTCCTTTGATTTTGAACAAGATTTAGAAGATATTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt4721_Genome_Tile|1
AAATGCTCCTGATCAGGATTTTAGAGACATTGTTTATTTAAGCAGACCAACATACAGTCG
>HPV63_Mu_9626605_nt4741_Genome_Tile|1
TTAGAGACATTGTTTATTTAAGCAGACCAACATACAGTCGTGCCCTGATGGCCGCATGC
>HPV63_Mu_9626605_nt4801_Genome_Tile|1
GCCTAAGCCGCTGGGACGCAGAGCCACTATAAGTACCAGAAGTGGTGTACTATAGGTG

>HPV63_Mu_9626605_nt4861_Genome_Tile|1
CTCAATCACACTTTTATATGGATATTAGCTCTATCTCCTCAAATGATGGCATTGAGTTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt4881_Genome_Tile|1
GATATTAGCTCTATCTCCTCAAATGATGGCATTGAGTTACAAACACTGGGTGAAGCTTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt4901_Genome_Tile|1
AAATGATGGCATTGAGTTACAAACACTGGGTGAAGCTTCTGGCGAGACTGTGGTGCAAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt4921_Genome_Tile|1
AAACACTGGGTGAAGCTTCTGGCGAGACTGTGGTGCAAAGTTCTCTTGCTGCATCGGATC
>HPV63_Mu_9626605_nt4941_Genome_Tile|1
GGCGAGACTGTGGTGCAAAGTTCTCTTGCTGCATCGGATCCTATTGAAGCAGAACATTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt4981_Genome_Tile|1
CTATTGAAGCAGAACATTCATTCATTGAACCAGCACCATCTATAGATAGTTATGATATTG
>HPV63_Mu_9626605_nt5001_Genome_Tile|1
TTCATTGAACCAGCACCATCTATAGATAGTTATGATATTGTTTCACTTCAGTCTGAGACT
>HPV63_Mu_9626605_nt5021_Genome_Tile|1
TATAGATAGTTATGATATTGTTTCACTTCAGTCTGAGACTTATTCAGATGAACATTTGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt5041_Genome_Tile|1
TTTCACTTCAGTCTGAGACTTATTCAGATGAACATTTGTTAGATATGTATGAACCTGTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5061_Genome_Tile|1
TATTCAGATGAACATTTGTTAGATATGTATGAACCTGTAGGTTCTTCCTTGCAATTACAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5081_Genome_Tile|1
AGATATGTATGAACCTGTAGGTTCTTCCTTGCAATTACAAATATCAGACGTCAGAGGTCG
>HPV63_Mu_9626605_nt5101_Genome_Tile|1
GTTCTTCCTTGCAATTACAAATATCAGACGTCAGAGGTCGGCCAACTGTTATTGATATTC
>HPV63_Mu_9626605_nt5141_Genome_Tile|1
GCCAACTGTTATTGATATTCCCTTTAGACCCCGCAGGCCTCCATTAGGTCCCTATAAATGC
>HPV63_Mu_9626605_nt5161_Genome_Tile|1
CCTTTAGACCCCGCAGGCCTCCATTAGGTCCCTATAAATGCTGGTGTTGATATCTATAGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt5221_Genome_Tile|1
CAACTGCTAGTGTTGGATCACCTACTATAAATCCTACTGATCTTGACATTCCATTAATTA
>HPV63_Mu_9626605_nt5281_Genome_Tile|1
TTATACATTTAGATAAATCAACAGGGGATTATGATTTACATCCAAGTTTGCGTAAACGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt5301_Genome_Tile|1
ACAGGGGATTATGATTTACATCCAAGTTTGCGTAAACGTCGCAAATTAGTTCATATTTGA
>HPV63_Mu_9626605_nt5321_Genome_Tile|1
TCCAAGTTTGCGTAAACGTCGCAAATTAGTTCATATTTGATATTTTACAGATGGCTGTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt5341_Genome_Tile|1
GCAAATTAGTTCATATTTGATATTTTACAGATGGCTGTTTGGCTTCCTGCCCAGAATAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt6841_Genome_Tile|1
AGAAAACGTAGATCCTCCAATACTACTGTGGCCAAACGGAGGCGACGGGCCTGAATATAC
>HPV63_Mu_9626605_nt6861_Genome_Tile|1
TACTACTGTGGCCAAACGGAGGCGACGGGCCTGAATATACATGTGAATGTTGAATTATAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6901_Genome_Tile|1
ATGTGAATGTTGAATTATATAATGTGAATTGTGAATCCTTGACTTTGGCACTTGCACTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt6921_Genome_Tile|1
AATGTGAATGTTGAATCCTTGACTTTGGCACTTGCACTTTATTCTTGGCATACTGATACT
>HPV63_Mu_9626605_nt6941_Genome_Tile|1
GACTTTGGCACTTGCACTTTATTCTTGGCATACTGATACTTGAAACTTGTTCAATGCTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt6981_Genome_Tile|1
TGAAACTTGTTCAATGCTTGAAGGTTACACACCTGTACAGTATTGTTAATAAACGTTTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt7001_Genome_Tile|1
AAGGTTACACACCTGTACAGTATTGTTAATAAACGTTTATGCTGCTGTCATTTACCTGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt7021_Genome_Tile|1
TATTGTTAATAAACGTTTATGCTGCTGTCATTTACCTGTCTTCGAGTCATTATTGCCTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt7041_Genome_Tile|1

GCTGCTGTCATTTACCTGTCTTCGAGTCATTATTGCCTAGTCATATAGCCTCATGACTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt7061_Genome_Tile|1
TTCGAGTCATTATTGCCTAGTCATATAGCCTCATGACTTGGCATGCAATTGGTATGTGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt7081_Genome_Tile|1
TCATATAGCCTCATGACTTGGCATGCAATTGGTATGTGGCAGATACTTCAAACAGGATAC
>HPV63_Mu_9626605_nt7121_Genome_Tile|1
AGATACTTCAAACAGGATACTGGTATCCTTTTTGGCGCGCGCGCAATTTTGAAGTTACC
>HPV63_Mu_9626605_nt7161_Genome_Tile|1
GCGCGAATTTTGAAGTTACCACTGTTCCAACCTGTTCTGAGACGTCTGGATCTGATCCCG
>HPV63_Mu_9626605_nt7181_Genome_Tile|1
ACTGTTCCAACCTGTTCTGAGACGTCTGGATCTGATCCCGACCGCTGTCGTTACTGCCAA
>HPV63_Mu_9626605_nt7221_Genome_Tile|1
ACCGCTGTCGTTACTGCCAAAGACGAAAGTGGTAGGCGCGAACCGTTTGTGGTTTCCCTG
>HPV63_Mu_9626605_nt7241_Genome_Tile|1
AGACGAAAGTGGTAGGCGCGAACCGTTTGTGGTTTCCCTGGGGCTAGCAGAACTCTTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt0001_Genome_Tile|1
ACAATCATAATCATCGCCCTTTCGTGTTATTTCTTGTAACGAATTCGTTACAAAACACAC
>HPV41_Nu_9626041_nt0021_Genome_Tile|1
TTCGTGTTATTTCTTGTAACGAATTCGTTACAAAACACACACAGTATATAAGATAGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt0061_Genome_Tile|1
ACACAGTATATAAGATAGAGGAACGGATTGGTACACCACAGATGGCATCAACAAGCGGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt0201_Genome_Tile|1
ACTTATCCATGCATACAGCTCTGCTGCCATTATTGCTATAAGATCCTTAGCGTATTGGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt0241_Genome_Tile|1
AGATCCTTAGCGTATTGGATATTTACGCTTTCGACCAGAGCTGTCTGTACTTATCCTGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt0281_Genome_Tile|1
CTGTCTGTACTTATCCTGGGGAGAAGGGGGGCCAACGGGTATTTGTTCTCAGTGTACTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt0301_Genome_Tile|1
GAGAAGGGGGGCCAACGGGTATTTGTTCTCAGTGTACTAGAGTGCTTGCAAGGCTGGAGT
>HPV41_Nu_9626041_nt0321_Genome_Tile|1
ATTTGTTCTCAGTGTACTAGAGTGCTTGCAAGGCTGGAGTTCACTGCACGGCACGAAGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt0361_Genome_Tile|1
TCACTGCACGGCACGAAGTGTCTTGTGCAGCCAGCCGTCTGCCGCACTTTATAGGACAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt0381_Genome_Tile|1
TCTTGTGCAGCCAGCCGTCTGCCGCACTTTATAGGACAGAGCCTCAGCGACCTTGAGGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt0401_Genome_Tile|1
GCCGCACTTTATAGGACAGAGCCTCAGCGACCTTGAGGTGAGGTGTGTGAGGTGCCTAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt0461_Genome_Tile|1
TCTTCTACAATCTGTGGAAAAGGATTACATATTGCGGGAAGACTTGTCTGTGCATAGAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt0481_Genome_Tile|1
AGGATTACATATTGCGGGAAGACTTGTCTGTGCATAGAATTGGCGGGATCTGGAGGGGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt0501_Genome_Tile|1
GACTTGTCTGTGCATAGAATTGGCGGGATCTGGAGGGGAACCTTGTGTTTCGATGTATGGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt0541_Genome_Tile|1
CTTGTGTTTCGATGTATGGTAGGACTGTATTAGCTGTGAGACTAATATACTGTTTGCTGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt0561_Genome_Tile|1
GGACTGTATTAGCTGTGAGACTAATATACTGTTTGCTGTATTGTATTGCTGTAATCGTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt0581_Genome_Tile|1
CTAATATACTGTTTGCTGTATTGTATTGCTGTAATCGTGCGTAAATTGCTATACCCTGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt0601_Genome_Tile|1
TTGTATTGCTGTAATCGTGCGTAAATTGCTATACCCTGTAATAATGAGAGGGGAATAGTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt0621_Genome_Tile|1
GTAAATTGCTATACCCTGTAATAATGAGAGGGGAATAGTGTGACCTGCAAGAAATTGTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt0681_Genome_Tile|1
TTGTTACAGCAGGGGGAGGTACCTGAGAATGCTGCAGTGCATTACAGGGGAGCATTCTGATG

>HPV41_Nu_9626041_nt0761_Genome_Tile|1
GAGGAGCGGGAACAGGTGCAGCAAGTCCCCACACCCAGGAGAACATTATACCTGGTAGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt0801_Genome_Tile|1
GAACATTATACCTGGTAGAGAGTCAGTGTCCATTTTGCCAGGCTATCATACGATTTGTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt0861_Genome_Tile|1
GCGTAGCAAGCAACACTGGGATACGGAATCTACAGGCACTCCTGGTCAACAGTCACCTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt0901_Genome_Tile|1
CCTGGTCAACAGTCACCTTGACCTCGCTTGTCACGCCTGTGTGCGAGCAGAATGGCGTCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt0941_Genome_Tile|1
GTGCGAGCAGAATGGCGTCCAGGGTCTCAGACACCGGCAATGGCAATGAAAACAAAGAGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt1081_Genome_Tile|1
ACGATGAGGAAAGTATGGAGGATAGCTTGGTGGAAGACCTTGTGGATGATGCTTCTGTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt1121_Genome_Tile|1
TGTGGATGATGCTTCTGTGCATCAGGGAAATTCCTTGTGCTGTTCATGCCCAAACCTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt1141_Genome_Tile|1
ATCAGGGAAATTCCTTGTGCTGTTCATGCCCAAACCTGTGCGAGGAATACGAGGGAGAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt1161_Genome_Tile|1
CTGTTTCATGCCCAAACCTGTGCGAGGAATACGAGGGAGAGATCCAGAGCCTAAAACGAAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt1181_Genome_Tile|1
CGAGGAATACGAGGGAGAGATCCAGAGCCTAAAACGAAAGTTTATCCTGAGTCCCTTGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt1201_Genome_Tile|1
TCCAGAGCCTAAAACGAAAGTTTATCCTGAGTCCCTTGCATAGGGATGTGGCAGAACTAA
>HPV41_Nu_9626041_nt1241_Genome_Tile|1
TAGGGATGTGGCAGAACTAAGCCCGCTCTGGCGGGTGTTCCTGGAAGAAAACCGTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt1261_Genome_Tile|1
GCCCCGCTCTGGCGGGTGTTCCTGGAAGAAAACCGTGGGAAAAAGGCTCGCAAATCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt1321_Genome_Tile|1
TGTTCCACGATGACAGTGGCATAGACAGCAGCGCAGTGAAGTCTCCAGCTATCTAGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt1361_Genome_Tile|1
AGTCTCCAGCTATCTAGTACGCCATCAGCTCCAGGGCCAGACATCCGGCTGCCTAAACC
>HPV41_Nu_9626041_nt1381_Genome_Tile|1
CGCCATCAGCTCCAGGGCCAGACATCCGGCTGCCTAAACCCTCAGATATAGATCTAGAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt1441_Genome_Tile|1
CACTGTTCCAAAGCCGCCAGCGCTGTACGCATATGTATAGCAAATTTAAAGCTGTGTACG
>HPV41_Nu_9626041_nt1461_Genome_Tile|1
CGCTGTACGCATATGTATAGCAAATTTAAAGCTGTGTACGGGGTTAGCTTTACAGATATA
>HPV41_Nu_9626041_nt1501_Genome_Tile|1
GGGTTAGCTTTACAGATATAACCAGGCCATTCAAAGCGACAAAACAACATCACAGCATT
>HPV41_Nu_9626041_nt1541_Genome_Tile|1
CAAAACAACATCACAGCATTGGGTGTGGCCGCCTACTATTTAGCTTTTGATAGTGAGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt1561_Genome_Tile|1
GGGTGTGGCCGCCTACTATTTAGCTTTTGATAGTGAGATAAGTGCTATGGAGGTTTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt1601_Genome_Tile|1
AAGTGCTATGGAGGTTTTGCTGCGACAACAATGCCAATTTTTATACATTGACAACAATGA
>HPV41_Nu_9626041_nt1621_Genome_Tile|1
TGCGACAACAATGCCAATTTTTATACATTGACAACAATGATGGCATTATACTGTTCTTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt1681_Genome_Tile|1
TGGAATACAACGTGCAGAAATCTAGGACTACAGTGTACAATTGGTTCACAGCCAATTTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt1701_Genome_Tile|1
TCTAGGACTACAGTGTACAATTGGTTCACAGCCAATTTCCATTATAATGAAAATAGAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt1721_Genome_Tile|1
TTGGTTCACAGCCAATTTCCATTATAATGAAAATAGAATGCTAGCTAATCCGCCAAGGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt1741_Genome_Tile|1
ATTATAATGAAAATAGAATGCTAGCTAATCCGCCAAGGACACGAAACATGCCTGCTGCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt1761_Genome_Tile|1

CTAGCTAATCCGCCAAGGACACGAAACATGCCTGCTGCTTTATTCTTCTATCATAGATTT
>HPV41_Nu_9626041_nt1781_Genome_Tile|1
ACGAAACATGCCTGCTGCTTTATTCTTCTATCATAGATTTATGGGTACAGGGGGTATAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt1801_Genome_Tile|1
TATTCTTCTATCATAGATTTATGGGTACAGGGGGTATAAAACATGGCGCAATGCCAGAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt1841_Genome_Tile|1
ACATGGCGCAATGCCAGAAATAATTGTAAACCAGTGCGTGGTGTCTAATCAGCAGACAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt1861_Genome_Tile|1
TAATTGTAAACCAGTGCGTGGTGTCTAATCAGCAGACAGACACCTTTGAATTATCACGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt1901_Genome_Tile|1
CACCTTTGAATTATCACGTATGGTACAGTGGGCACTGGACAACGATCTGCAAGATGAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt1921_Genome_Tile|1
TGGTACAGTGGGCACTGGACAACGATCTGCAAGATGAACATATGTTAGCTTTAGAGTATG
>HPV41_Nu_9626041_nt1941_Genome_Tile|1
AACGATCTGCAAGATGAACATATGTTAGCTTTAGAGTATGCTTTGCTTGCTGAAAGTGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt1961_Genome_Tile|1
TATGTTAGCTTTAGAGTATGCTTTGCTTGCTGAAAGTGATGGCAATGCGCGGGCTTTTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt2001_Genome_Tile|1
GGCAATGCGCGGGCTTTTTTAAAGCAGAATAATCAGCCAATGATAGTGAAGAATTGTAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt2021_Genome_Tile|1
AAAGCAGAATAATCAGCCAATGATAGTGAAGAATTGTAGCATAATGGTTAGACACTACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2041_Genome_Tile|1
TGATAGTGAAGAATTGTAGCATAATGGTTAGACACTACAAGACAGCGCTGGTCGCAAAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2061_Genome_Tile|1
ATAATGGTTAGACACTACAAGACAGCGCTGGTCGCAAAAATGTCTATTTACAGTATGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt2081_Genome_Tile|1
GACAGCGCTGGTCGCAAAAATGTCTATTTACAGTATGTGAATAAGCGGTGTCTGGACCA
>HPV41_Nu_9626041_nt2101_Genome_Tile|1
TGTCTATTTACAGTATGTGAATAAGCGGTGTCTGGACCATGGGGAAGCTGATGAAAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt2121_Genome_Tile|1
AATAAGCGGTGTCTGGACCATGGGGAAGCTGATGAAAACAGCTGGCGGGGAATTGTGCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2141_Genome_Tile|1
TGGGGAAGCTGATGAAAACAGCTGGCGGGGAATTGTGCATTTTCTGAGGTATCAAGGTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt2161_Genome_Tile|1
GCTGGCGGGGAATTGTGCATTTTCTGAGGTATCAAGGTCAGGAATTCCTGCCCTTCATGT
>HPV41_Nu_9626041_nt2181_Genome_Tile|1
TTTCTGAGGTATCAAGGTCAGGAATTCCTGCCCTTCATGTGTAAAATGCACAATTCCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt2201_Genome_Tile|1
GGAATTCCTGCCCTTCATGTGTAAAATGCACAATTCCTACACCATAGACCAAAGAAATC
>HPV41_Nu_9626041_nt2381_Genome_Tile|1
ACCATTACGTGGGGCACGGTGTCTAATAGACGATGCGACCCTCACGTTTTGGAGGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt2401_Genome_Tile|1
GCTGTCTAATAGACGATGCGACCCTCACGTTTTGGAGGTACGCGGACCAAAACATGAGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt2441_Genome_Tile|1
CGCGGACCAAAACATGAGGGCACTGCTAGATGGATATGAGATTTCCATTGATGCAAAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt2461_Genome_Tile|1
CACTGCTAGATGGATATGAGATTTCCATTGATGCAAAACACAGAAACCAATGCAAACTA
>HPV41_Nu_9626041_nt2481_Genome_Tile|1
ATTTCCATTGATGCAAAACACAGAAACCAATGCAAACTAGAGCACCACCATTAAATAATA
>HPV41_Nu_9626041_nt2501_Genome_Tile|1
CAGAAACCAATGCAAACTAGAGCACCACCATTAAATAAACCACAAATGAGGACATTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2541_Genome_Tile|1
ACCACAAATGAGGACATTATGCGATTAGATGAATTCAAATATCTGCAAACCAGAACAAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt2581_Genome_Tile|1
ATCTGCAAACCAGAACAAATGTATGTGTACTTTAACAAGCCATTTCTCTTAAAGGAAATG

>HPV41_Nu_9626041_nt2661_Genome_Tile|1
GATGGTTATACATGGAACCTTTTTTTTAGGAAATTTTGGCGTCACCTAAATCTAAAAGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt2681_Genome_Tile|1
TTTTTTTAGGAAATTTTGGCGTCACCTAAATCTAAAAGACCCTGAGGATGAGTCAGATGG
>HPV41_Nu_9626041_nt2701_Genome_Tile|1
GTCACCTAAATCTAAAAGACCCTGAGGATGAGTCAGATGGAGAGACTCCTGGAACGATTA
>HPV41_Nu_9626041_nt2721_Genome_Tile|1
CCTGAGGATGAGTCAGATGGAGAGACTCCTGGAACGATTAGACTATATACAAGAGCAGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2741_Genome_Tile|1
AGAGACTCCTGGAACGATTAGACTATATACAAGAGCAGATACTGACACTATATGAGAAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt2761_Genome_Tile|1
GACTATATACAAGAGCAGATACTGACACTATATGAGAAAGATAGTGTGACCTAGAGGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2781_Genome_Tile|1
ACTGACACTATATGAGAAAGATAGTGTGACCTAGAGGATCATATAAGGCTATGGAATCT
>HPV41_Nu_9626041_nt2801_Genome_Tile|1
ATAGTGTGACCTAGAGGATCATATAAGGCTATGGAATCTGCTAAGGAGGGAAAATGCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2821_Genome_Tile|1
CATATAAGGCTATGGAATCTGCTAAGGAGGGAAAATGCAATCTGGTATGTACTCAGACAG
>HPV41_Nu_9626041_nt2861_Genome_Tile|1
TCTGGTATGTACTCAGACAGGAAGGACACGCAAGGGTCGGCGGCAGAGCGGTGCCGGCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2901_Genome_Tile|1
CGGCAGAGCGGTGCCGGCAATGACGGTATCGGAAGCCAATGCCAAATTCGCAATAGAAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2921_Genome_Tile|1
TGACGGTATCGGAAGCCAATGCCAAATTCGCAATAGAAATGCAGATAAAGCTAGAATCAC
>HPV41_Nu_9626041_nt2941_Genome_Tile|1
GCCAAATTCGCAATAGAAATGCAGATAAAGCTAGAATCACTAAAGGCCAGTCCCCTATGCG
>HPV41_Nu_9626041_nt2981_Genome_Tile|1
TAAAGGCCAGTCCCCTATGCGGCCGAGGGCTGGTCATTGCAAGAAACCACCAAGGAACGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt3001_Genome_Tile|1
GCCGAGGGCTGGTCATTGCAAGAAACCACCAAGGAACGGTACTTGGCTGAACCGTCTCGG
>HPV41_Nu_9626041_nt3021_Genome_Tile|1
AGAAACCACCAAGGAACGGTACTTGGCTGAACCGTCTCGGACATTTAAGAAATTAGGGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt3061_Genome_Tile|1
ACATTTAAGAAATTAGGGCAGCCAGTTACCCTAATGTTTGACAATGATCCCGAAAACCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt3101_Genome_Tile|1
ACAATGATCCCGAAAACCTTACAGAAGTTGTATTGTGGAAATGGGTTTATTATATTACAC
>HPV41_Nu_9626041_nt3121_Genome_Tile|1
ACAGAAGTTGTATTGTGGAAATGGGTTTATTATATTACACCAACAGATGAATGGTATAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt3141_Genome_Tile|1
ATGGGTTTATTATATTACACCAACAGATGAATGGTATAAAGCTAGAGGTGGCATTGATGA
>HPV41_Nu_9626041_nt3161_Genome_Tile|1
CAACAGATGAATGGTATAAAGCTAGAGGTGGCATTGATGACACTGGTATATACTACATTG
>HPV41_Nu_9626041_nt3181_Genome_Tile|1
GCTAGAGGTGGCATTGATGACACTGGTATATACTACATTGACCACGAGTCTGTTAAAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt3201_Genome_Tile|1
CACTGGTATATACTACATTGACCACGAGTCTGTTAAAATGTACTATGTGAGATTTGACAT
>HPV41_Nu_9626041_nt3221_Genome_Tile|1
ACCACGAGTCTGTTAAAATGTACTATGTGAGATTTGACATGGAAGCGGAGAACTTTAGCG
>HPV41_Nu_9626041_nt3241_Genome_Tile|1
TACTATGTGAGATTTGACATGGAAGCGGAGAACTTTAGCGAGACAGGCACTGTCACCTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt3301_Genome_Tile|1
CGGCTAGGCAGCGCCCTGGTAAATGTACCTGAACCTGTAACCTGTTACCGACAGCTCCTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt3321_Genome_Tile|1
AAATGTACCTGAACCTGTAACCTGTTACCGACAGCTCCTCCACGAGGGAGAGAACCCCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt3361_Genome_Tile|1

ACGAGGGAGAGAACCCCAAAGGTACTACGACCGCAGGGGTCGAGACGACGCAGAAACGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt3401_Genome_Tile|1
CGAGACGACGCAGAAACGAGGAAACGGGGGAGCCGGTCGCCCCAGCCCCTAAGCGAAGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt3461_Genome_Tile|1
GAGGAGCTTACGACGCAGATCCTCCCCGAAGGCCAACGCAGGACCGCGGCGTCGCCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt3501_Genome_Tile|1
CAGGACCGCGGCGTCGCCTGTTTCTAGAGGAAACGGAGGATCGTCTGACTTCACTTCTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt3581_Genome_Tile|1
GAGTCAGACATAGAGCACTTCGAAAGAAAACGCGGGTGTTGCTCCAGCAGAAGGACACT
>HPV41_Nu_9626041_nt3681_Genome_Tile|1
CTTAAGGTACAAATGGAAAAACAAGTATAGCGGTGACATAATGTATCTGGGGACTACTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt3701_Genome_Tile|1
ACAAGTATAGCGGTGACATAATGTATCTGGGGACTACTTTCACATGGACGGAGTCTGACG
>HPV41_Nu_9626041_nt3721_Genome_Tile|1
ATGTATCTGGGGACTACTTTCACATGGACGGAGTCTGACGGGACAGAACGGTGTGGGTCG
>HPV41_Nu_9626041_nt3761_Genome_Tile|1
GGACAGAACGGTGTGGGTCGGGGCGCTTTTTTTGTGCTTTCTCTAATGAAACAAAAAGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt3781_Genome_Tile|1
GGGCGCTTTTTTTGTGCTTTCTCTAATGAAACAAAAAGAGAAAGTTCCCTCAAATCTGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt3801_Genome_Tile|1
CTCTAATGAAACAAAAAGAGAAAGTTCCCTCAAATCTGTCAAGATTCCTAAAAACATTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt3841_Genome_Tile|1
AAGATTCCCTAAAAACATTGGGCTGTTTCGCGCACACGCAGAAAAGCTGTGACCTGTGTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt3901_Genome_Tile|1
CATTAACAATGCTTGCTAGGCAAAGGGTTAAACGCGCTAATCCTGAACAACCTGTATAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt3921_Genome_Tile|1
GCAAAGGGTTAAACGCGCTAATCCTGAACAACCTGTATAAGACATGCAAAGCAACGGGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt3981_Genome_Tile|1
CGATTGTCCACCCGATGTTATTAAACGCTATGAGCAAACCTACACCTGCTGATAGTATATT
>HPV41_Nu_9626041_nt4001_Genome_Tile|1
TTAAACGCTATGAGCAAACCTACACCTGCTGATAGTATATTAAAGTATGGGAGTGTAGGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt4181_Genome_Tile|1
TGCCAATTGAATCAGGGGGGCTTCACTGGCAGAGGAAATACCTCTGCTTCCCATGGCAC
>HPV41_Nu_9626041_nt4221_Genome_Tile|1
ACCTCTGCTTCCCATGGCACCCCGTGTGCCAAGGCCTACAGATCCCTTTTCGGCCGTCAGT
>HPV41_Nu_9626041_nt4341_Genome_Tile|1
TTTCCCTACAGACGCTGCACCATTTGACAATGGCAACACAGAAATCACAACCATTCCCTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt4361_Genome_Tile|1
CATTTGACAATGGCAACACAGAAATCACAACCATTCCCTAGCCAATATGATGTTAGTGGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt4381_Genome_Tile|1
GAAATCACAACCATTCCCTAGCCAATATGATGTTAGTGGGGGAGGGGTTGACATTCAGATA
>HPV41_Nu_9626041_nt4401_Genome_Tile|1
CCAATATGATGTTAGTGGGGGAGGGGTTGACATTCAGATAATTGAACTCCCTAGTGTGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt4441_Genome_Tile|1
ATTGAACTCCCTAGTGTGAATGACCCCGTCCCTCGGTTGTTACCCGCACACAATACAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt4461_Genome_Tile|1
TGACCCCGGTCCCTCGGTTGTTACCCGCACACAATACAACAATCCAACGTTTGAGGTGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt4481_Genome_Tile|1
TTACCCGCACACAATACAACAATCCAACGTTTGAGGTGGAGGTGTCCACTGACATTAGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt4501_Genome_Tile|1
AATCCAACGTTTGAGGTGGAGGTGTCCACTGACATTAGTGGAGAAACCTCATCAACGGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt4541_Genome_Tile|1
GAGAAACCTCATCAACGGACAACATTATTGTAGGAGCTGAAAGCGGTGGCACATCCGTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt4561_Genome_Tile|1
AACATTATTGTAGGAGCTGAAAGCGGTGGCACATCCGTAGGTGACAATGCTGAACTGATA

>HPV41_Nu_9626041_nt4601_Genome_Tile|1
GTGACAATGCTGAACTGATACCTTTGCTAGATATATCCCGGGGGGACACAATTGACACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt4621_Genome_Tile|1
CCTTTGCTAGATATATCCCGGGGGGACACAATTGACACAACAATACTTGCCCCTGGCGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt4661_Genome_Tile|1
CAATACTTGCCCCCTGGCGAGGAGGAGACTGCCCTTTGTGACCAGCACTCCTGAACGTGTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt4681_Genome_Tile|1
GAGGAGACTGCCTTTGTGACCAGCACTCCTGAACGTGTGCCTATACAGGAGCGATTACCT
>HPV41_Nu_9626041_nt4721_Genome_Tile|1
CTATACAGGAGCGATTACCTATTAGGCCCTATGGCAGACAGTATCAGCAAGTGCGAGTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt4761_Genome_Tile|1
GTATCAGCAAGTGCGAGTTACCGACCCTGAATTTTTAGACAGCGCTGCAGTACTTGTCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt4781_Genome_Tile|1
CCGACCCTGAATTTTTAGACAGCGCTGCAGTACTTGTCTCTTTAGAGAATCCAGTGTTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt4861_Genome_Tile|1
TTTGAGGATGATCTGCAGCAGGCACTACGTAGTGACACAGACCTGCGGGACGTGCGTCGC
>HPV41_Nu_9626041_nt4881_Genome_Tile|1
GGCACTACGTAGTGACACAGACCTGCGGGACGTGCGTCGCTCAGTAGACCTTATTACCA
>HPV41_Nu_9626041_nt4941_Genome_Tile|1
GAGGCGCACTACTGGCCTTCGTGTTAGTCGCCCTGGGGCAACGTGCGGGTACTATATCCAC
>HPV41_Nu_9626041_nt4961_Genome_Tile|1
GTGTTAGTCGCCCTGGGGCAACGTGCGGGTACTATATCCACGCGCTCTGGTGTTTCAGGTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt4981_Genome_Tile|1
CGTCGCGGGTACTATATCCACGCGCTCTGGTGTTTCAGGTAGGCTCCGCTGCTCATTTTTTC
>HPV41_Nu_9626041_nt5021_Genome_Tile|1
GCTCCGCTGCTCATTTTTTCCAGGACATTAGTCCAATCGGCCAGGCTATTGAGCCAATTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5041_Genome_Tile|1
CAGGACATTAGTCCAATCGGCCAGGCTATTGAGCCAATTGATGCAATTGAACTAGATGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5081_Genome_Tile|1
ATGCAATTGAACTAGATGTACTGGGTGAGCAATCCGGTGAGGGGACTATTGTGAGAGGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5101_Genome_Tile|1
CTGGGTGAGCAATCCGGTGAGGGGACTATTGTGAGAGGAGACCCTACGCCTTCTATTGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5121_Genome_Tile|1
GGGGACTATTGTGAGAGGAGACCCTACGCCTTCTATTGAGCAAGACATAGGACTAACCGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5141_Genome_Tile|1
ACCCTACGCCTTCTATTGAGCAAGACATAGGACTAACCGCTTTGGGGGACAACATTGAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5161_Genome_Tile|1
CAAGACATAGGACTAACCGCTTTGGGGGACAACATTGAAAATGAATTGCAGGAAATAGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5181_Genome_Tile|1
TTTGGGGGACAACATTGAAAATGAATTGCAGGAAATAGATTTATTAAGTGCAGGATGGTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt5201_Genome_Tile|1
ATGAATTGCAGGAAATAGATTTATTAAGTGCAGGATGGTGAAGAAGACCAGGAGGGCAGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5261_Genome_Tile|1
ACCTGCAGTTGGTATTTTCCACTGGCAATGATGAGGTGGTTGATATTATGACTATACCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt5281_Genome_Tile|1
ACTGGCAATGATGAGGTGGTTGATATTATGACTATACCTATACGTGCAGGCGGGGATGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt5301_Genome_Tile|1
TGATATTATGACTATACCTATACGTGCAGGCGGGGATGACAGGCCTTCAGTATTTATTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt5321_Genome_Tile|1
TACGTGCAGGCGGGGATGACAGGCCTTCAGTATTTATTTTATGCGATGATGGCACTCACA
>HPV41_Nu_9626041_nt7041_Genome_Tile|1
CCCTTACTACCTACAGGCGGCCTACTAAGCGCCGCCGAAGGCTTAAACGAATTGCTGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt7061_Genome_Tile|1
CCTACTAAGCGCCGCCGAAGGCTTAAACGAATTGCTGGTATTGTGGTGCGGTGTCCTCG
>HPV41_Nu_9626041_nt7141_Genome_Tile|1

TAATCACTTGGTCAGTCCAGGGTACACCACTCCATTATCTATTTACTTCGCATGTATTTTC
>HPV41_Nu_9626041_nt7161_Genome_Tile|1
GGTACACCACTCCATTATCTATTTACTTCGCATGTATTTCTCTGTTATGTTCTGTATGG
>HPV41_Nu_9626041_nt7201_Genome_Tile|1
TCTGTTATGTTCTGTATGGGTTATGAATGTGTTAATAAAATATGTTGGTAACGCTGTGC
>HPV41_Nu_9626041_nt7221_Genome_Tile|1
GTTATGAATGTGTTAATAAAATATGTTGGTAACGCTGTGCACGGGTTTGTTCACGTTTCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt7241_Genome_Tile|1
ATATGTTGGTAACGCTGTGCACGGGTTTGTTCACGTTTCATGTCTCATGATTTGGCACCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt7281_Genome_Tile|1
GTCTCATGATTTGGCACCCCTGTATTTCCCGCCGCCGCCGGGGGATCGCAGATATAATCC
>HPV41_Nu_9626041_nt7301_Genome_Tile|1
TGTATTTCCCGCCGCCGCCGGGGGATCGCAGATATAATCCCCAAACCCAAAGCGTTCCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt7321_Genome_Tile|1
GGGGATCGCAGATATAATCCCCAAACCCAAAGCGTTCCAACATTGGCAAACGTCTCTGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt7341_Genome_Tile|1
CCAAACCCAAAGCGTTCCAACATTGGCAAACGTCTCTGGCCCCGATACAACCTGAAACGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt7361_Genome_Tile|1
CATTGGCAAACGTCTCTGGCCCCGATACAACCTGAAACGGTCTGTCTTGCCAATAGCCCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt7381_Genome_Tile|1
CCCAGTACAACCTGAAACGGTCTGTCTTGCCAATAGCCCCATCTGGCGGGGATTCAACTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt7421_Genome_Tile|1
TCTGGCGGGGATTCAACTGAAACGGTGTGTACTGCCAAGTAACATTTTTGTTATTGGAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt7481_Genome_Tile|1
GCCTCCGGTGTGGCGGAAGCGCAAGGATTTAGGCGCGAAGACAGTTTTATTGCCAAAAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt0061_Genome_Tile|1
AGGTACATATATAAGGGAAGTGTGAACCTCAGCAAATCAGCAATGCCTATGGGACTGCACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt0621_Genome_Tile|1
AGTCAGAGTCAGAGGATGAGAGGGACGGTGTGTTGGTGTGCAGGAGCAACTTGTAGAACAAAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt1261_Genome_Tile|1
GCACCAGAAAGCCAGGTATCGGGGGGTACACAGCATACAAAGGGGGGAGGCGGCGCCGTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt1281_Genome_Tile|1
GGGGGGTACACAGCATACAAAGGGGGGAGGCGGCGCCGTTTACAGGAAGCGGAAGAGGAGCG
>HPV72_Alpha_1491683_nt1341_Genome_Tile|1
TGTGGGGGGGGATGGTGAAGCGCAGTGTAGTGCACAGACACAGCAAACGCCAGAGAGAGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt1381_Genome_Tile|1
CAGCAAACGCCAGAGAGAGCAGCAGACGTACTAGAAATATTTAAGGTTAGTAATTTGCGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt1401_Genome_Tile|1
AGCAGACGTACTAGAAATATTTAAGGTTAGTAATTTGCGTGTACATTACTGCATAAATT
>HPV72_Alpha_1491683_nt2541_Genome_Tile|1
GAAGACCAGGCATTTAAATATTTGCACAGTAGAATAGTGTGTTGTTTAAATTTATGCATAAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt2581_Genome_Tile|1
TGTTTAAATTTATGCATAAGTGCCCATTAATAAGCAACGGTGATCCCGTATATACCCTAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt3101_Genome_Tile|1
TAAAAGCAGTGAGTATGTGAGCTGGGGGTGATTTATGTGCAAAGTACAGAGGACGAAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt3141_Genome_Tile|1
GCAAAGTACAGAGGACGAACAGTGGTATAAAGTACAAGGACATGTGTATATCATGGGCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3161_Genome_Tile|1
AGTGGTATAAAGTACAAGGACATGTGTATATCATGGGCTATATTATGAATTTTACGGGTC
>HPV72_Alpha_1491683_nt3181_Genome_Tile|1
CATGTGTATATCATGGGCTATATTATGAATTTTACGGGTCAGAAACAGTACTATGTAACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt3201_Genome_Tile|1
ATATTATGAATTTTACGGGTCAGAAACAGTACTATGTAACATTTGGACACGAAGCCAGAAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt3521_Genome_Tile|1
AAAGAGACATCTGCAGGCAACGGCGTGACAGTGCTGACCAGTGGGTCAACCGTGACAGTG

>HPV72_Alpha_1491683_nt3541_Genome_Tile|1
CGGCGTGACAGTGCTGACCAGTGGGTCAACCGTGACAGTGAAGTGCACACAACAAGCAAGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt3561_Genome_Tile|1
GTGGGTCAACCGTGACAGTGAAGTGCACACAACAAGCAAGGGACATCTGTAACAGTCACGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt3661_Genome_Tile|1
AAGTGTTCCTCGGTATAGGCTTCAGCAGTCAAGTGCCTAACTTGTTCCTTAAAGCATCCTCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3741_Genome_Tile|1
GGGTGACACAACAAATGTGCATTTGTAACACTGTGGTATGTGGATACTGACCAACGGAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt3861_Genome_Tile|1
AATGTGTATATAATGTTTGTGCGATGGCAACCAAGTGTATAGAACCACACCTGCAACATT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3881_Genome_Tile|1
TGCGATGGCAACCAAGTGTATAGAACCACACCTGCAACATTATGTAAGGCAGAAGCAATCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt4061_Genome_Tile|1
TAGGATTGTTTGTATATATATGCAGGTGATGTGGTACATAGGTGACTTATAATCCACCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt4081_Genome_Tile|1
ATGCAGGTGATGTGGTACATAGGTGACTTATAATCCACCCAGCCATTACATGCTGCTATT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4141_Genome_Tile|1
GTGTAAATAGTGTTCCTTGTGTATCTTGTATGTAATATGTATCCTGTTGTAGTGGGCAAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4161_Genome_Tile|1
GTATCTTGTATGTAATATGTATCCTGTTGTAGTGGGCAATACGGATGGGGGTGCATTAAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4181_Genome_Tile|1
ATCCTGTTGTAGTGGGCAATACGGATGGGGGTGCATTAATTGTACTACGAGACGATAATT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4221_Genome_Tile|1
TGTACTACGAGACGATAATTGTGGATTGTGGTTCCTTCTTGTGTATGTTAATAATCATTGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4241_Genome_Tile|1
GTGGATTGTGGTTCCTTCTTGTGTATGTTAATAATCATTGTAGTGTGCTATATAGGTTGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt4261_Genome_Tile|1
TGTATGTTAATAATCATTGTAGTGTGCTATATAGGTTGCTACACTGATCCCTTCCTTTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4301_Genome_Tile|1
TACACTGATCCCTTCCTTTTGTGTATTCCCACCTCCTTTTTATTTTTGTTTGTGTTTGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4321_Genome_Tile|1
GTGTATTTCCACCTCCTTTTTATTTTTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt4341_Genome_Tile|1
TATTTTTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4361_Genome_Tile|1
TTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5101_Genome_Tile|1
CAAGGCTAATCAACAGGTTAGGGTTACTAACCCCTGCCTTTTTGTCTCGACCCCAAGTCTCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5381_Genome_Tile|1
CAGGACATTAGCCCATTTTCATCTGATACTATTGAAATGCAATCCTTGGCCTCCTCTACG
>HPV72_Alpha_1491683_nt5401_Genome_Tile|1
ATCTGATACTATTGAAATGCAATCCTTGGCCTCCTCTACGCAGCCAGACATAACATATGA
>HPV72_Alpha_1491683_nt5461_Genome_Tile|1
CATTTATGCTGACCTGATTTAGGGGAACCCCGCCGCTGCTTCTGTGTCTTCTACATC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5501_Genome_Tile|1
GCTTCTGTGTCTTCTACATCATTGCACAGCCCGTCCCTGTCTGCAGCGTCTGCTGTTTCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5561_Genome_Tile|1
GCCAAGTATGACAATGTAACAGTTCCTTGTTCCTTAGGGCCACACATCCCTGCCTCCTCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5581_Genome_Tile|1
AGTTCCCTGTTCCTTAGGGCCACACATCCCTGCCTCCTCTGGCCCTGACATTGATTTGTC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5661_Genome_Tile|1
CTACAATGCCTCTTGTACCCTCTACGCATCCACATTCTATTTATGTTGAGGGCTTTGATT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6181_Genome_Tile|1
ACACTTCCTTACTTGTGGCTGACAATTCTGACAGTCGGGACAATGTATCTGTTGACTACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6221_Genome_Tile|1

CAATGTATCTGTTGACTACAAACAGACCCAATTGCTTATTATAGGGTGCAAGCCTCCCAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6241_Genome_Tile|1
AACAGACCCAATTGCTTATTATAGGGTGCAAGCCTCCCATTTGGTGAGCATTGGACCAAGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6281_Genome_Tile|1
TGGTGAGCATTGGACCAAGGGCACTCCTTGTGCAGGCTCTAATTCTCAGCCAACTGACTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6561_Genome_Tile|1
CATTTTTTTAATAGGCAGGGCACAATGGGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6581_Genome_Tile|1
CACAAATGGGTGAGGCACTACCAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6601_Genome_Tile|1
CAGCCAGTTTATATCTTAAAGGTGCCTCGGGTAGCGACAGGGTGACACCTGGTAGTTATA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6821_Genome_Tile|1
TATTTGTACTGCCACAGCGTCTCTGTATCAGAAATATACAGCTTCTAATTTTCGTGAGTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6841_Genome_Tile|1
CCTCTGTATCAGAAATATACAGCTTCTAATTTTCGTGAGTATCTTCGCCACACTGAGGAAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7261_Genome_Tile|1
CTACCTCGACCCCCGCCCTACTAAACGTAAAAAGCGCAAAAAGTAACATGTCATACTGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7301_Genome_Tile|1
AAAGTAACATGTCATACTGTTTGTGTGGTGTATGTGTGTATGTGTGCAATGCATGCATGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7321_Genome_Tile|1
TTGTGTGGTGTATGTGTGTATGTGTGCAATGCATGCATGTGTGTTTCTGTTGTTGTTTGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7401_Genome_Tile|1
TTATGTTGTTGTATGTTTTTTGTATGGCCCCCTGCCCGTGTTGTGTATGTATGTGGAAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7521_Genome_Tile|1
CCCTGTGAGTAAGTGTGTGTTTGCACGTTGTCCTACTTCCTACACTTTGTTTTGTGTCAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt7561_Genome_Tile|1
TACACTTTGTTTTGTGTACCTTTGTATGCCCTTTACTGTACTCCATTTTATATTTTCTC
>HPV72_Alpha_1491683_nt7581_Genome_Tile|1
CTTTGTATGCCCTTTACTGTACTCCATTTTATATTTTCTCCATTTTGTATTCGCGACCGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7681_Genome_Tile|1
GTACATAGAACTATGCATTGTGCTTTCCTCCACATCCTGTTTCAACAAACCTTATCCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7741_Genome_Tile|1
CATCTGGGTGTGCCTGACAGGTTTCTGGCACATACATTTTCCATAGTTATGTGTTTCCTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt7761_Genome_Tile|1
GTTTCTGGCACATACATTTTCCATAGTTATGTGTTTCCTGACTCATTTTACAATAGATAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7861_Genome_Tile|1
TTGCTGTTTTGGCTACCTTTCTAGGTGTTGTAGCCAAGTATGTGTCTTGCAACTATGGGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt7881_Genome_Tile|1
CTAGGTGTTGTAGCCAAGTATGTGTCTTGCAACTATGGGCAAGCCCTTTACAAACGTGTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt0201_Genome_Tile|1
ATGTTTAAACCTTTTTTCTAAAATTAGAGAATTACGATATTATTACATTCAGTGTATGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt0221_Genome_Tile|1
AAATTAGAGAATTACGATATTATTACATTCAGTGTATGGAGATACATTAGAAAAAATTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt0341_Genome_Tile|1
CAGCAGACAAATATAAACATCTTAAAGACAAACGACGATTCCACCACATATCTGGTTATT
>HPV97_Alpha_71726694_nt0521_Genome_Tile|1
ATTGCATTTGCAACCCCAAAATGAAATAAATTCGGCTGACCTTCAATGTTATGAGCACCT
>HPV97_Alpha_71726694_nt0541_Genome_Tile|1
ATGAAATAAATTCGGCTGACCTTCAATGTTATGAGCACCTAAGTGACTTAGAGGAAGAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt1261_Genome_Tile|1
CCGTAAACACAAATATAAATAGAGAACATGGCGGCAGTTTATGTAGTAGTGGGAGTAGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt1281_Genome_Tile|1
AGAGAACATGGCGGCAGTTTATGTAGTAGTGGGAGTAGTAGTGGGTGTATGGATGGTAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt1321_Genome_Tile|1
GTGGGTGTATGGATGGTAATCATGATAATAGTAATATAGAAAATGAAAAATCCACAATTAG

>HPV97_Alpha_71726694_nt1361_Genome_Tile|1
AAATGAAAATCCACAATTAGTAATTGCAGAATTAAAAGACCTATTAAAGGCAAATAATAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt1381_Genome_Tile|1
TAATTGCAGAATTAAAAGACCTATTAAAGGCAAATAATAAAAAAGCTGCAATGTTAGCTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt2461_Genome_Tile|1
AGCACAAAGCCATTACTACAGTTAAAATGTCCGCCTATATTATTAACCTCAAATATTAATC
>HPV97_Alpha_71726694_nt2481_Genome_Tile|1
TTAAAATGTCCGCCTATATTATTAACCTCAAATATTAATCCAGCTATAGATAACAGATGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt3141_Genome_Tile|1
ATGGGATAAAACAGAAGCATGTGTAAGTCACTGGGGACTCTATTATATGAAAGAAGGAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt3201_Genome_Tile|1
GAAAACATTTTATGTGCAATTTGAACATGAAAGTAAAAAATATGGTAACAGTAATAAGTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt3581_Genome_Tile|1
AAAACAGTTTAAAATGTTTGCGGTATCGATTTAAAAAATATAATCAATACTATAGTTCTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3621_Genome_Tile|1
TAATCAATACTATAGTTCTATATCATCAACCTGGCATTGGACAGATTCTGTAAATAAAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3701_Genome_Tile|1
TGTATGATAGTGAGCATCAACGAACCAAATTTTGGATAGTGTTCCTATTCCTAACAGTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt3781_Genome_Tile|1
ATGACAATGTAATATGTATATTGTATACAATGTGGTAAACAAATGTTAACATTTGTGTTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt3961_Genome_Tile|1
GTAAGTGCATTTACAGCATATGTATGTTTTTTTTTTTATTGCCTATGTTTTTTATTACACATA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3981_Genome_Tile|1
TGTATGTTTTTTTTTTTATTGCCTATGTTTTTTATTACACATACATGCTAGATATACATAACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt4001_Genome_Tile|1
CTATGTTTTTTATTACACATACATGCTAGATATACATAACATTACTTGTATATACTGTATT
>HPV97_Alpha_71726694_nt4021_Genome_Tile|1
CATGCTAGATATACATAACATTACTTGTATATACTGTATTGTACAGTATCTTTTGTATTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt4041_Genome_Tile|1
TTACTTGTATATACTGTATTGTACAGTATCTTTTGTATTGCATAGTTTTTTTATACTTGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt4061_Genome_Tile|1
GTACAGTATCTTTTGTATTGCATAGTTTTTTTATACTTGTTTTGTATTATTGTTTACTGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt4081_Genome_Tile|1
CATAGTTTTTTTATACTTGTTTTGTATTATTGTTTACTGTTGTAATAAATATGGTATCCC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5141_Genome_Tile|1
AATTTCTGCAACAGACGACAGCAACTTATTTGATGTTTATGCTGACATTCCTACTACATC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5161_Genome_Tile|1
GCAACTTATTTGATGTTTATGCTGACATTCCCTACTACATCTGACACTAGTGTTACTGCTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5181_Genome_Tile|1
GCTGACATTCCTACTACATCTGACACTAGTGTTACTGCTAACACAGCATTTACATACCCT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5201_Genome_Tile|1
TGACACTAGTGTTACTGCTAACACAGCATTTACATACCCTAAATACTATTCTACTGTATC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5221_Genome_Tile|1
ACACAGCATTTACATACCCTAAATACTATTCTACTGTATCGTCAGTCTCTTCTTATGGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5241_Genome_Tile|1
AAATACTATTCTACTGTATCGTCAGTCTCTTCTTATGGTAACCTTACTGTTCCCTTAACT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5321_Genome_Tile|1
ATATACAGGCCCGAGATATTGTATTACCTTCTAGTACTTCTGTATGGCCTTTTATAACACC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5341_Genome_Tile|1
TATTACCTTCTAGTACTTCTGTATGGCCTTTTATAACACCTACATCTACGTCCACGACAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5361_Genome_Tile|1
GTATGGCCTTTTATAACACCTACATCTACGTCCACGACACACTATATAGGTATAAATGGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5381_Genome_Tile|1
TACATCTACGTCCACGACACACTATATAGGTATAAATGGTACGCATTACTATTTATGGCC
>HPV97_Alpha_71726694_nt6961_Genome_Tile|1

TCTGCCCCCTACTACTTCCAAACCTGCTAAGCGTTTACGTGTCCGTCGTAAAAAATAGTAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt7061_Genome_Tile|1
GCATTTTAGCATGTATGTATGTTATTTGTATGTTGTTGTACATCCTTGTATGTGTTATGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt7121_Genome_Tile|1
GGTATTAAATAAAATATGTTTGGTAGTTTCCTGTATGGTTGCACCCTGGTGAGTAACAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7141_Genome_Tile|1
TGGTAGTTTCCTGTATGGTTGCACCCTGGTGAGTAACAAATAGTGTGTTGTTTCGTGGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7201_Genome_Tile|1
TGAGTGTATTAAATTTATTTACTTTTATATTTTACATTTTAAAGTACCATCCATTTTATAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt7221_Genome_Tile|1
CTTTTATATTTTACATTTTAAAGTACCATCCATTTTATATTACAATTCTCCATTTTAATG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7301_Genome_Tile|1
CTTGGCTTACCTTTGTACATTCTGGCACTGTTGCAAACATTACCTTTGTAGATTCTGGCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7341_Genome_Tile|1
TACCTTTGTAGATTCTGGCACTGTTGCAAACATTAATCTTAAATACATTACTGTACTGGC
>HPV97_Alpha_71726694_nt7401_Genome_Tile|1
ACTATTGCAAATGTTAATCTCACATACAATAGTCATACATATTTTACCACCTGGCACGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7421_Genome_Tile|1
CACATACAATAGTCATACATATTTTACCACCTGGCACGTATTTTGGCGCACACTTTGGCG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7581_Genome_Tile|1
TTTGTAGTTTGTACTTGTACTACTTGTATTATTGGCCTGTGCAACTACTTTTACATCCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7601_Genome_Tile|1
CTACTTGTATTATTGGCCTGTGCAACTACTTTTACATCCAACAATCTGTCTACTCTTCTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt7721_Genome_Tile|1
AGTACAACCCATACTTTTCATTAATACTTTTAAACAATAATGTTATATAAAAAATGGGTGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0041_Genome_Tile|1
GCAAAGACTGCGACGTGGATTTAGAGGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0061_Genome_Tile|1
TTAGAGGATCTACGGCTTACATGCATATATTGCACCAAGGAGCTTACAACATCAGAAGTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0121_Genome_Tile|1
CTGTCCTTTGCACTAAAGGAAGTGGATATAGTGTGGAAGTGGCAGCTGCCCCATGGTGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0141_Genome_Tile|1
ACTGGATATAGTGTGGAAGTGGCAGCTGCCCCATGGTGTATGTGCACCGTGCTTAAGTAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0301_Genome_Tile|1
TGCTATATATGCTGTAAGCCGTTAGGCAGCCAGGAAAAGGACTATATGGTGTATTTTAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0321_Genome_Tile|1
GTTAGGCAGCCAGGAAAAGGACTATATGGTGTATTTTAACGAGCGATTTTCATAAAATATC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0401_Genome_Tile|1
GTTGCAACTGCAGGGTAATATGCACGGCCGCACGCCGACCATCCAGGATATAGTTCTGGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0421_Genome_Tile|1
TGCACGGCCGCACGCCGACCATCCAGGATATAGTTCTGGAAGAACGTCCAGAACCAATTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0441_Genome_Tile|1
ATCCAGGATATAGTTCTGGAAGAACGTCCAGAACCAATTAGCCTACAATGTGAGGAAGAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0601_Genome_Tile|1
GTGGTGTGTGCTATCGTGCAGTTAGGTAGTAGTATTGTCTGACGACGCACATCTAAGAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0621_Genome_Tile|1
GTTAGGTTAGTAGTATTGTCTGACGACGCACATCTAAGACATCTACAACAGCTGCTGCTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1001_Genome_Tile|1
TTACCTATAGCCCGGCATCCAGTACCGGCGTGCATGGGTAGATAAGGAATTAAGTCCCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1021_Genome_Tile|1
AGTACCGGCGTGCATGGGTAGATAAGGAATTAAGTCCCCGGTTGGATGCCATAAACCTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1041_Genome_Tile|1
AGATAAGGAATTAAGTCCCCGGTTGGATGCCATAAACCTAAACAGGGGCCACGAAAAAGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1281_Genome_Tile|1
ACAGACGCAGGAGGGAACGCAAGGTGTGCTGGAGCTGCTTAAGGCGAGCAACATAAGGGC

>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1321_Genome_Tile|1
AAGGCGAGCAACATAAGGGCCACCATACTGAGTAAGTTTAAGGAACATTTGGACTATCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1361_Genome_Tile|1
AGGAACTATTTGGACTATCCTACTATGACCTTGTAAGGCAATTTAAAAGTGATAAGTCTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1761_Genome_Tile|1
AATAGGGGAGGCAATGAAGGAAACCCAGTTTAGTCTATCAACATTAGTACAATGGGCCTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2381_Genome_Tile|1
GAAACCTAACACAACATAAATGTCCACCCTTAATGATAACCACCAATGTGGACCCCTTAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2401_Genome_Tile|1
TGTCCACCCTTAATGATAACCACCAATGTGGACCCCTTAGCAGATGATACATTAAAATAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2481_Genome_Tile|1
GTTTAGATTTCTAAACAAATGTCCAATGAACGCAAACGGGGAGCCAGTATATACATTAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2841_Genome_Tile|1
CCATTACCATACATTTGTCATTGCAAAGTTTAAATGCCAGTGCATATAAAGATGAACCCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2961_Genome_Tile|1
AAAAAGGACATACAGTAACTGTTAAATACGATGGAGAGGACCAAAAGGCCATGGAATATG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2981_Genome_Tile|1
GTTAAATACGATGGAGAGGACCAAAAGGCCATGGAATATGTTTCTTGGGGTGAAATATAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3001_Genome_Tile|1
CCAAAAGGCCATGGAATATGTTTCTTGGGGTGAAATATACATACAATGTCCAGAAACAGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3021_Genome_Tile|1
TTTCTTGGGGTGAAATATACATACAATGTCCAGAAACAGACATGTGGTACAAGGTGGCCG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3261_Genome_Tile|1
TACCCTCTGCTGCAGTTGGTGACCGGCTACACCACCCACCACACCCACTTCCTGCACCG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3421_Genome_Tile|1
ACAAAAGCACGTGGACAGTAGCCACAGGGGGCTCCACAGTAACCCTGACGGCACAGAACG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3441_Genome_Tile|1
GCCACAGGGGGCTCCACAGTAACCCTGACGGCACAGAACGACTCGGGATCGCGCATTTGTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3541_Genome_Tile|1
CAAACATAAAATGTTTTAGATATAGATTAAAGCAAACAGTACCTGACCTATACCTACGTGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3681_Genome_Tile|1
AACGGGCACAATTTCTTGACGTGTGCATATACCAAAGGGTATACAGGCTATGCAAGGTC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3761_Genome_Tile|1
CCACCTTACATGTAATATTTGGTACAGTGTATTGTGTATATACAATGTAAATAATGTTTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3781_Genome_Tile|1
GGTACAGTGTATTGTGTATATACAATGTAAATAATGTTTGTACTGCATAGCTGAGCCTAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3801_Genome_Tile|1
TACAATGTAAATAATGTTTGTACTGCATAGCTGAGCCTACCATAGTCCTGTGCCACATAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3821_Genome_Tile|1
TACTGCATAGCTGAGCCTACCATAGTCCTGTGCCACATATATTGTACATTGCAATAGTAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3841_Genome_Tile|1
CATAGTCCTGTGCCACATATATTGTACATTGCAATAGTAACCCTGGATATTATACTACGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3861_Genome_Tile|1
ATTGTACATTGCAATAGTAACCCTGGATATTATACTACGTCTTATATGTTTGTGGAGTGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3881_Genome_Tile|1
CCCTGGATATTATACTACGTCTTATATGTTTGTGGAGTGATATACTTGTGCTGCTTATTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3981_Genome_Tile|1
TGTGTTGTTGGGTATTGTGTATGTAGGGTTACTACTTCTTTATGTGCAAGTATTGTGGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4001_Genome_Tile|1
ATGTAGGGTTACTACTTCTTTATGTGCAAGTATTGTGGTATATAGGACTATAACCACACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4101_Genome_Tile|1
TTTATACACATGTTCCCCGTAGAGGTACGCGGTGCGGGGGGGGGGTACGACATGGTGGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4121_Genome_Tile|1
AGAGGTACGCGGTGCGGGGGGGGGGTACGACATGGTGGTATTTGACAGACATGATGTTGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4141_Genome_Tile|1

GGGGGTACGACATGGTGGTATTTGACAGACATGATGTTGGGTACTAGGCATATTGTTGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4241_Genome_Tile|1
GCTACTACATTATTGAACATGCTTTTATAGTGCATTCCCATACCTGTATTGTTGACTACTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4261_Genome_Tile|1
GCTTTTATAGTGCATTCCCATACCTGTATTGTTGACTACTGCTATAGGATTGTGTTTTATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4281_Genome_Tile|1
TACCTGTATTTGGTACACTGCTATAGGATTGTGTTTTATATTTTTATATATACAATAAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4681_Genome_Tile|1
TAGCATTGTTGAGTCAGGGGCTGTCTTGCCCAATTTTACAGGCACCGATGGCTTTGAGAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4821_Genome_Tile|1
ATAGCAATCCTGCATTTACCGAGCCCTCCATTATTGAGCCCCCGCAGCATGGCAGTGTTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4941_Genome_Tile|1
TGAGCACATTTGCCACCTCTGGGGACGTGGACGCTGGTCCTATAAGCAGTACCCCCAGTAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5321_Genome_Tile|1
TACCATGATGTAAGTCCCATTTCGGCTGCAGAATCCATTGAGATGCAGCCATTATTACCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5341_Genome_Tile|1
TTCGGCTGCAGAATCCATTGAGATGCAGCCATTATTACCTTCCCCTGACCTTACACAGCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5361_Genome_Tile|1
AGATGCAGCCATTATTACCTTCCCCTGACCTTACACAGCCTGTGTATGATATATATGCTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5521_Genome_Tile|1
TGTATCGTCTCAATACACAAATGTTACTGTTCCTTTGTCTCAGGGGTTTGACGTTCCCTGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5541_Genome_Tile|1
ATGTTACTGTTCCTTTGTCTCAGGGGTTTGACGTTCCCTGCTGTTACAGGGCCTGACATAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5561_Genome_Tile|1
CAGGGGTTTGACGTTCCCTGCTGTTACAGGGCCTGACATAGCATTTCCCCTGCCCCCTAGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5581_Genome_Tile|1
TGTTACAGGGCCTGACATAGCATTTCCCCTGCCCCCTAGTGTCCCCCATATTCCCCTC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5641_Genome_Tile|1
ATATACCCTTGGCCCCCTCCACAGGCTATATATATTACGGTACGGATTTTATTTAGTAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5881_Genome_Tile|1
ATTACAGTTGGCCACCCTTATTATACTGTACAGGTCAATGGTGCTAACAAAAAGGCCAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6121_Genome_Tile|1
TTATACAACCGTTTGGATGACACTGAAAATGCTTCCTTATTGGTTGCTGCAGATGTTGAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6141_Genome_Tile|1
CACTGAAAATGCTTCCTTATTGGTTGCTGCAGATGTTGACAGTAGGGATAATATATCTGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6281_Genome_Tile|1
CTAGTGTTGTGCCTCAGCAGGGGATTGCCACCTTTGCAGTTGCTAAATACTACTATTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6541_Genome_Tile|1
AGGCAGGGTGTTATGGGTGAGGACCTGCCAAAAACCTTGTTATATGCCTGGGTCTGCTGCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6581_Genome_Tile|1
ATATGCCTGGGTCTGCTGCTAATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCCCCAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6601_Genome_Tile|1
AATAACAGAAATACACTTACTAGCTATGTATATGCCCCAACGCCAGTGGGTCTATGGTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6781_Genome_Tile|1
AACCTTACCATTTGTGCTGCTTCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTTTAAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6801_Genome_Tile|1
TTCCCAGTCTGGCACAGAATACAGTTCTACACGCTTTAAGGAATATTTAAGACACACTGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6861_Genome_Tile|1
GGAATATGACCTACAGTTTATATTCCAATATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6881_Genome_Tile|1
TATTCCAACCTATGTAAGATACACCTAACGCCTGAGATAATGTCCTATTTACACAATATGA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7261_Genome_Tile|1
TAATTTATACTCTGTGTGTTGTGTGTGCTGTATTTGGTTTTGTATATTATGTTATGTGGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7321_Genome_Tile|1
GCCCTCTGTGTGTGTATGTATTGTATAACTTATGTATGTATCCCTACTGTTGTGTAGTGT

>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7401_Genome_Tile|1
TGTAGTGTGTGTCCTGTATGTAAACCCCTATGTACTGTGTGTCCTGTATGTAAACCCCTATT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7521_Genome_Tile|1
ATGTGTCACTGTGGCCCTGTGTCCAGCTGCGCCCTATGAGATATGTATTCGGCCATTTCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7541_Genome_Tile|1
GTCCAGCTGCGCCCTATGAGATATGTATTCGGCCATTTCTTTCCACCCAGCGTCCATT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7621_Genome_Tile|1
CGGTCTCCCGCGTTTTTGTGTTTTGTTATGGCGCCATGCCACTTTACACAAAGACTTGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7641_Genome_Tile|1
TTTGTATTGGCGCCATGCCACTTTACACAAAGACTTGTAATCTTTTATACTTCCTGCGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7721_Genome_Tile|1
CTGGGAGTGCTGACATTTATTTGGCTACAAATACATTGTGCTGTGCACAATTTATGTAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7741_Genome_Tile|1
TTTGGCTACAAATACATTGTGCTGTGCACAATTTATGTACTTTTCACTCATTGCTGCAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7881_Genome_Tile|1
CAACTATGTGTCTTGTAAACCTTGTTTTATTGCTTTTAAACATGTTTCATGCCATACCCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7921_Genome_Tile|1
CATGTTTCATGCCATACCCATACCGGTCGCTCCCTATGTGTCATTCTTTACTTATTATTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7941_Genome_Tile|1
TACCGGTCGCTCCCTATGTGTCATTCTTTACTTATTATTATATATTACAATCATAAGACT
>HPV13_Alpha_85827580_nt0241_Genome_Tile|1
TCAGTATAAGAGTTTATATATAGTGTGGCGAGGATCGTTTCCATTGCGGCTTGTGCATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt0281_Genome_Tile|1
CCATTTGCGGCTTGTGCATGCTGCTTAGAAATACAAGGAAAGATTAACCAGTTTAGGCAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt0441_Genome_Tile|1
AAGTGGAGAAACTAAGACATATTTTGCGAAGGCACGATTTATTAAATTAACAGCAGTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt0661_Genome_Tile|1
CAACATAGCACACTATTACAATGCTACCAAATACTAACGTCCTGTAGTAAATGTTGTAGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt0741_Genome_Tile|1
GTGTACAGGACCTGACATTCACGACCTACACGACCTACTGCTGGGCACGCTGAATATAGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt2081_Genome_Tile|1
AAAAATGTCTATGAAACAATGGATAACATATAGAAGTAAAAAATAGAGGAAGCAGGAAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt2521_Genome_Tile|1
CATCTAATGTAGACATTACCAAAGATGACAAATATAAATATTTGTATAGTAGAGTAACAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3101_Genome_Tile|1
ACAATAGAATGGATTATGTGTGCTGGACATACATATATGTGTTTGACACAGATAAATGGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3161_Genome_Tile|1
CAAAGGTGAAAAGGAATGGTAGATTATAAAGGGTTGTACTACATACATGGAAATTTGAAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3181_Genome_Tile|1
GATTATAAAGGGTTGTACTACATACATGGAAATTTGAAAACATATTATATAGAGTTTGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3721_Genome_Tile|1
CCTAATAATTCACAAAACATGCACTGGTAACCTTAACCTATGTAAATGAACAACAAAGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3761_Genome_Tile|1
ATGTAAATGAACAACAAAGACAAGACTTTTTAAACACTGTAAAAATACCTGCAACCATAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3781_Genome_Tile|1
CAAGACTTTTTAAACACTGTAAAAATACCTGCAACCATAACACATAAACTAGGTTTTATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3801_Genome_Tile|1
AAAAATACCTGCAACCATAACACATAAACTAGGTTTTATGTTCATTGCAATTGTTGTAACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3821_Genome_Tile|1
CACATAAACTAGGTTTTATGTTCATTGCAATTGTTGTAACAGCATATATTGTATGTAAATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3861_Genome_Tile|1
GCATATATTGTATGTAAATATTTGTTGTGTGTGTATATATTGTACATGGAATTTATAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt3921_Genome_Tile|1
CTGTGGATGTTACTACACAGGAAACCAGCAAGTCATTACTGCCACTTGTAATTGCACTTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt3961_Genome_Tile|1

GCCACTTGTAATTGCACTTACAGTGTGTGTAGTTAGCATTATAACAATATTGTGGATATC
>HPV13_Alpha_85827580_nt3981_Genome_Tile|1
CAGTGTGTGTAGTTAGCATTATAACAATATTGTGGATATCAGAGTTTTTGGTGTACACAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4001_Genome_Tile|1
ATAACAATATTGTGGATATCAGAGTTTTTGGTGTACACAAACGTTTTAGTACTAACATTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4021_Genome_Tile|1
AGAGTTTTTGGTGTACACAAACGTTTTAGTACTAACATTAATTTTATATATACTTTTGTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt4121_Genome_Tile|1
CTGTCTCTTTGCTTTCTTCCTGCGTTGTGTGTACACCAATATATTTTACAAACACAAGAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4221_Genome_Tile|1
ACACATGGTTGCTATTATGGTTAATTTTATCATTTATTGTAGCCATTCTAGGGTTACTGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt4241_Genome_Tile|1
TTAATTTTATCATTTATTGTAGCCATTCTAGGGTTACTGTTGCTGTATATAAGAACTGGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4281_Genome_Tile|1
TGCTGTATATAAGAACTGGACATATGCATTGCCAGTGTGGAGTAAATAAGTGGTTTTAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt4301_Genome_Tile|1
CATATGCATTGCCAGTGTGGAGTAAATAAGTGGTTTTATATTTTGTGTGTATTCATTTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4561_Genome_Tile|1
CGGTAGGACTGGCTATGTACCAGTAGGATCCACCCACGCCCTGCCATATCATCTGGGCC
>HPV13_Alpha_85827580_nt4861_Genome_Tile|1
TATTACACAATCTCAACCTTCTATTGAAAGTGGTGCACACGTGTTTATATCGCCATCTAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt4881_Genome_Tile|1
CTATTGAAAGTGGTGCACACGTGTTTATATCGCCATCTACTATTTCCCCCTCATTCTACAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt4901_Genome_Tile|1
GTGTTTATATCGCCATCTACTATTTCCCCCTCATTCTACAGAAGACATTCCCTTTAGATACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4921_Genome_Tile|1
TATTTCCCCCTCATTCTACAGAAGACATTCCCTTTAGATACATTTATTGTATCTTCCTCAGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5121_Genome_Tile|1
ACCCAACATATGAAGGTGAAGATATAAGTTTGCAGTTTGCCACAATACCATTTCATGAAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt5141_Genome_Tile|1
GATATAAGTTTGCAGTTTGCCACAATACCATTTCATGAACCCCCTGATGAGGCATTTATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt5221_Genome_Tile|1
GCCAGCCATAACATCACGGCGTGGTCTTGTAGGTTTAGTTCGAATTGGTCAGAGGGGGTC
>HPV13_Alpha_85827580_nt5281_Genome_Tile|1
TATGTATACTCGAAGCGGCAAGCATATAGGTGGAAGGGTCCATTTCTTTAAGGATATTTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt5581_Genome_Tile|1
TGACATAACATTCCTCAACTGCACCTACAGTAACACCTTATAATCCTGTTACGCCTATTTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt5881_Genome_Tile|1
CTTATTTTCTTATTAAGAAACAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTGGTTATCAGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt5901_Genome_Tile|1
CAAAACAAAACCTGTTGTCCCTAAGGTATCTGGTTATCAGTTTAGGGTATTTAAAGTTGTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6501_Genome_Tile|1
GCAAGGCATTTCTTTAACAGGGCAGGCTCTGTTGGTGAACATAATCCCAGCAGAATTATAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6521_Genome_Tile|1
GGCAGGCTCTGTTGGTGAACATAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6541_Genome_Tile|1
TAATCCCAGCAGAATTATATGTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6561_Genome_Tile|1
GTTAAGGGTAGTAATACACTTTCTAATAGTATTTACTATAAATACTCCCAGTGGCTCTCTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6741_Genome_Tile|1
ACTAACATGACTGTGTGTGCAGCCACTACATCATCTCTTTTCAGACACATATAAGGCCACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6761_Genome_Tile|1
AGCCACTACATCATCTCTTTTCAGACACATATAAGGCCACAGAATATAAACAGTACATGCG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6941_Genome_Tile|1
GCTATCTCCCCCTCCTAATGGAACATTGGAAGACACATATAGATATGTACAATCTCAGGC

>HPV13_Alpha_85827580_nt7001_Genome_Tile|1
CATAACGTGTCAAAAGCCTACACCTGATAAAGAAAAACAGGATCCGTATGCGGGTCTTAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7141_Genome_Tile|1
CAGGCGTTCAGTCTAGGTCACCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7161_Genome_Tile|1
CCTATTCGTGTAGGTAGAAAACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACACGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7181_Genome_Tile|1
ACGTGCTGCATCTACATCTACTGCCACACCTACTACACGTAAAAAAGCTAAAAGGAAATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7241_Genome_Tile|1
ATAGTTTGTATTATGATTGTGTATGTATGTCACGTTTGTGTGTACTGTATATATGTTGTGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7281_Genome_Tile|1
GTACTGTATATATGTTGTGTACTGTATGTGTAATGTTGTATGTATGTGCATGTTACTTAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7321_Genome_Tile|1
TGTATGTGCATGTTACTTATTAAAGAATGTGTGTGTGTGTTTGTATGCAATAAATTTAAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7401_Genome_Tile|1
CTATGAGTAAAGTGGTATGTTGTGTCTCGTGTGTTGTTTTGTATACTATACTATAACAGTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7421_Genome_Tile|1
GTGTCTCGTGTGTTGTTTTGTATACTATACTATAACAGTAGTGCAACCATTTTGTAACCT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7541_Genome_Tile|1
ACCGATTTGTTGCAGCAGCTGTTTATATAATCTTACCTACCGCTGCCAAAATTATCCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7601_Genome_Tile|1
CCGCTTGCCAAAATCACCCACACACCTGGCGTTGCTAGGGCGCGGTTATATATGTTTACT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7621_Genome_Tile|1
CACACCTGGCGTTGCTAGGGCGCGGTTATATATGTTTACTAAATCTTACTAATCTTTCTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7641_Genome_Tile|1
CGCGGTTATATATGTTTACTAAATCTTACTAATCTTTCTATCACTCATTTTACCTTTATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7661_Genome_Tile|1
AAATCTTACTAATCTTTCTATCACTCATTTTACCTTTATAACAATACTTTTGCTTTTCAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7681_Genome_Tile|1
TCACTCATTTTACCTTTATAACAATACTTTTGCTTTTCAAGTACATTTTCTACTTACTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7701_Genome_Tile|1
ACAATACTTTTGCTTTTCAAGTACATTTTCTACTTACTAGCCAATGCCTGAAAGGTTTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7721_Genome_Tile|1
GTACATTTTCTACTTACTAGCCAATGCCTGAAAGGTTTTTTGGCTACCAGCACTACATT
>HPV102_Alpha_71726718_nt2421_Genome_Tile|1
TCCGTTGGCAGACGAGTCACTAAAATATTTACGTAGCAGAATAACAGTGTTTAAGTTTAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt2441_Genome_Tile|1
TAAATATTTACGTAGCAGAATAACAGTGTTTAAAGTTTATGAATAAATGTCCAGTAACAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt3021_Genome_Tile|1
TATATGTAAATAAGGAGGACACAGACACATGGTATAAAGTGCCAGGCCGCATAGATTATG
>HPV102_Alpha_71726718_nt3401_Genome_Tile|1
ACCGAAAAACAACATCAAAAGCGGCTGGACACTAGTACCCACGGATTCTACGGTGACACT
>HPV102_Alpha_71726718_nt3441_Genome_Tile|1
ACGGATTCTACGGTGACACTGAGTGCCCCAAACGCCCAAGGGACAACAGTGACAGTAACA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3461_Genome_Tile|1
GAGTGCCCCAAACGCCCAAGGGACAACAGTGACAGTAACAATAACCTGTAATCCACTTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3621_Genome_Tile|1
GGGAGACAGCCACTAAAGCAACCTTTGTTACCTTGCGGTATAGCAGTGTAGAACAACGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3641_Genome_Tile|1
ACCTTTGTTACCTTGCGGTATAGCAGTGTAGAACAACGTAACCTGTTTTTAAGTAGGGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3781_Genome_Tile|1
TATATATGCTGTAATACTTACATTGTATAGGTGTATACAAATTGTGTTTGCAGTACACTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt3801_Genome_Tile|1
CATTGTATAGGTGTATACAAATTGTGTTTGCAGTACACTGAGCCACATATTACCAATCCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3821_Genome_Tile|1

ATTGTGTTTGCAGTACACTGAGCCACATATTACCAATCCACCCCCACACCTGGTAAAGTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt3841_Genome_Tile|1
AGCCACATATTACCAATCCACCCCCACACCTGGTAAAGTGTGCACACAGTTACAACCCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt3881_Genome_Tile|1
TGCACACAGTTACAACCCTGGATCTTGTTTATGCTTTATATGTTGGTGGTGTGACATAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt3901_Genome_Tile|1
GATCTTGTTTTATGCTTTATATGTTGGTGGTGTGACATACTTGCTTCTTGTTTGCTTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt3961_Genome_Tile|1
TGGCTTTTCGTACCTTCTCCCTGTGCTGCCCTTGTTGTGTTTATGTGCATTATATACCTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3981_Genome_Tile|1
CTGTGCTGCCCTTGTTGTGTTTATGTGCATTATATACCTAGGGTTGTTTTAGTGTACCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4001_Genome_Tile|1
TTATGTGCATTATATACCTAGGGTTGTTTTAGTGTACCTTCAGGTACTGTGGTCCAGTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt4141_Genome_Tile|1
GTATCCATTGGAAACACGACGGGGGGGCCGTCCTATGATGTGATTGTTTTGGGCAAGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4181_Genome_Tile|1
GTGATTGTTTTGGGCAAGCTGATACTGGATTACTGTTAATAATTTAATTTGATCATC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4221_Genome_Tile|1
TAATTTTAATTTTGATCATCATATAATTATTATCCTGCTGTATATGAGGCTTATGCACATGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4241_Genome_Tile|1
ATAATTATTATCCTGCTGTATATGAGGCTTATGCACATGTAGACTCCTTACTGTGTTCCCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4261_Genome_Tile|1
TATGAGGCTTATGCACATGTAGACTCCTTACTGTGTTCCCTTTGTATTCCCATACATTTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4321_Genome_Tile|1
TGATATTACTTTTTGTATTGTTTTATACACAGCACTTAATAAATACATTTAATTACACAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4341_Genome_Tile|1
TTTTATACACAGCACTTAATAAATACATTTAATTACACAATGTCCACTGTGGTTAGGCGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4361_Genome_Tile|1
AAATACATTTAATTACACAATGTCCACTGTGGTTAGGCGACGCAAACGAGCGTCCGCAAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4841_Genome_Tile|1
CACTAGCTTTACTAATCCCTTGTTTACAGAACCTTCTATAATTGAGGCTCCACAACATGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5041_Genome_Tile|1
GTGTTGCAGGCCCTCGCATTGGCCTTACAGTCGTGCGACAGACCAAGTTAAAGTATCTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5341_Genome_Tile|1
TGCATTTTTTACCATGATATTAGTCCTATTGCAGGTGCAGAGCATATTGAACTTCGCCCCCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5361_Genome_Tile|1
AGTCCTATTGCAGGTGCAGAGCATATTGAACTTCGCCCCCTGCAGCCTTCCATTGCTACT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5381_Genome_Tile|1
GCATATTGAACTTCGCCCCCTGCAGCCTTCCATTGCTACTGCCCCAGGGGACTCCTTATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5441_Genome_Tile|1
TGATATTTATGCTGATAATGGCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5461_Genome_Tile|1
GCCACTTGGACTCCTTGGCGTCTCCACATGTTTCATATACTTCTTCCACGTCTGTTCCCTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5501_Genome_Tile|1
TTCTTCCACGTCTGTTCCCTTTGCAATCTACAAATATTTTCAGCTACATCTGTGGTCTCTGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5561_Genome_Tile|1
GCGGTATGACAATGTACAGTACCACTCTCTTCTGGGTTTGATTGCTGCTGCATATACAGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5581_Genome_Tile|1
TACCACTCTCTCTGGGTTTGATTGCTGCTGATATACAGGCCCTGACATTCCAATTGCCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5621_Genome_Tile|1
CCCTGACATTCCAATTGCCACTCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5641_Genome_Tile|1
CTCCTACTACCAGTGTGCTGCATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTTCCCTTCCCAATCTGTGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5661_Genome_Tile|1
CATGTTTCCCAGTCCTCTAATGTTCCCTTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTAT

>HPV102_Alpha_71726718_nt5681_Genome_Tile|1
TGTTCCCTCCCAATCTGTGTTTGTGGATGGTACAGACTATTTTTTTATTGCCTAATTACTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6181_Genome_Tile|1
ACCCCATTAATTGCTGCAGCAGACGCCGATAGACGGGACAATGTTTCTGTAGATTACAAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6221_Genome_Tile|1
ATGTTTCTGTAGATTACAAACAAACCCAACTACTTATTATTGGGTGTAAACCCCTATTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt6581_Genome_Tile|1
CCATGGGCGAGGAACCTCCCTGCCTCCTATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATAGAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt6601_Genome_Tile|1
GCCTCCTATTACATACCTGGCACCTCTGGAAATAATAGACAAACTCCTACCAGTTATGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt7301_Genome_Tile|1
ATACTTATGTGTTGTACGTGTGTGTTGTGTATGTGTGTGTATACATATGTTGCCTATGTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt7341_Genome_Tile|1
ATACATATGTTGCCTATGTGTTTCGTGTATGTATGCATGTTTGTGTTTGTACATGTTTGTGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt7361_Genome_Tile|1
TTCGTGTATGTATGCATGTTTGTGTTTGTACATGTTTGTGTGTTCTATGTGTATGTATTTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt7501_Genome_Tile|1
CTCCACACGTCCTGCACCGCCTTACAGTTCCTGACCCCTTATGTACCAGTTCCTTTTGTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt7641_Genome_Tile|1
CAGTGGCATGCTGCCACAACACACAATAAGTAAGTAATCCTGTCTTACGCATATCCTGCAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt7661_Genome_Tile|1
ACACAATAGTAAGTAATCCTGTCTTACGCATATCCTGCATACATTGTGCCAATGTTCCAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt7741_Genome_Tile|1
TTGTTGGCTGCACAACGTGGTTGCCAGACAATATTTATGTTTTACTCATACTCATCCTGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt0001_Genome_Tile|1
ATGGGTACATATAAAAGAGATATGTTGCTTCAGCACAAAATAGCCATGACCAACGGAGAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt0021_Genome_Tile|1
TATGTTGCTTCAGCACAAAATAGCCATGACCAACGGAGACTGCTGTCCAAAGAATATCTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt0041_Genome_Tile|1
TAGCCATGACCAACGGAGACTGCTGTCCAAAGAATATCTTCCTATTGTGCAAAGCCTATC
>HPV106_Alpha_71726710_nt2341_Genome_Tile|1
TTACATAGATACATACCTACGAAACGCGCTGGACGGAAACCAGGTATGCATAGACAGAAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3561_Genome_Tile|1
GATCCAAATAAGTTAAAGTGTTTAAGATATAGACTAAAAAAGCATAACCTGTATTATTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt3681_Genome_Tile|1
GCCTTTGTAACATTGTGGCATGATAGTGTAGAGCAAAGAGCAAAGTTCTTAGCTACGGTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt3701_Genome_Tile|1
TGATAGTGTAGAGCAAAGAGCAAAGTTCTTAGCTACGGTGACTCTGCCTAAGGACATTGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt3721_Genome_Tile|1
CAAAGTTCTTAGCTACGGTGACTCTGCCTAAGGACATTGTGGCTGTACCTGGGTACATGA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3761_Genome_Tile|1
GGCTGTACCTGGGTACATGACTATGTTTGCATAATAGTGGCCTGTGTATATTGTATACTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt3801_Genome_Tile|1
CCTGTGTATATTGTATACTTGTATATTTGTATACCCATTGTACAGTGCAGAACATTAAGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt3841_Genome_Tile|1
TACAGTGCAGAACATTAAGGGCACGTAGGCACGTGTGTATACTACACCCTGGAGATTTTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt3861_Genome_Tile|1
GCACGTAGGCACGTGTGTATACTACACCCTGGAGATTTTTATTTGCTGGCTATCTGTTTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt3901_Genome_Tile|1
ATTTGCTGGCTATCTGTTTGGACACACCTGCTGCTATTGCTTATTTGTTTCTGGCTTTCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt3941_Genome_Tile|1
TTATTTGTTTCTGGCTTTCTATGCTGTCTGCTTTACTGCATTTCTTGTTTTTTTTTTGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt3961_Genome_Tile|1
ATGCTGTCTGCTTTACTGCATTTCTGTTTTTTTTTTTGCTGTGTATATAGCCCTTCTAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4101_Genome_Tile|1

TATATTCCCTGTGTGTCATAGTGTGCAACTATGTATCCTGTAGTGGTGCGTGATAAGGGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt4121_Genome_Tile|1
GTGTGCAACTATGTATCCTGTAGTGGTGCGTGATAAGGGGGGTGATACAGAATATCCTGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt4141_Genome_Tile|1
TAGTGGTGCGTGATAAGGGGGGTGATACAGAATATCCTGCTGTACTGTGGACACCCCAAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt4161_Genome_Tile|1
GGTGATACAGAATATCCTGCTGTACTGTGGACACCCCAAGATGACAAACTGTTGTTATTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt4181_Genome_Tile|1
TGTACTGTGGACACCCCAAGATGACAAACTGTTGTTATTGCTGCTGGTGTAGTTTGTCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt4241_Genome_Tile|1
TTTGGTGTTTTTTAGTTACCTTCGTTTGTTCAGTAGTTTTTACCTTTTGTATGTACATG
>HPV106_Alpha_71726710_nt4261_Genome_Tile|1
TTCGTTTGTTCAGTAGTTTTTACCTTTTGTATGTACATGTACTAGGGTGGGTTTTATAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt4281_Genome_Tile|1
TTACCTTTTGTATGTACATGTACTAGGGTGGGTTTTATATTATTGGGTGTTGTGGGTTAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt4301_Genome_Tile|1
TACTAGGGTGGGTTTTATATTATTGGGTGTTGTGGGTTATATTACATATTTTGTGGTTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt4681_Genome_Tile|1
CAATTGGGGCGTCTGAACCGTCCATTGTACACCTTAGTGGAGGATTCCAGTATTGTTGCCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5361_Genome_Tile|1
CATGATATAAGTCCAATTACTCCTGCTGAAGAGTTAGAAATGCAACCTCTGGTGTCTGAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5441_Genome_Tile|1
CTTATATGATATTTATGCTGACACCGAGACGCCTGGGTCGCGTCAGGGCACCTTAGCTTC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5461_Genome_Tile|1
ACACCGAGACGCCTGGGTCGCGTCAGGGCACCTTAGCTTCTATACACACATCCACACCTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5501_Genome_Tile|1
TATACACACATCCACACCTTTGCAGGCGCCTTCATTGGCTGCATCATCCACTGTCTCCAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5541_Genome_Tile|1
GCATCATCCACTGTCTCCACAGTATCGCACACTACTGTTCCCCTGTCTACAAGCTTTGAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5581_Genome_Tile|1
CCCTGTCTACAAGCTTTGATGTCCCTGTTTTAGTGGCCCTGACAGTGCTCTTCCCGATT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5681_Genome_Tile|1
CCCCACAGGCGATGTGCTTGTGCACGGGTCTACATATTATTTATTGCCCTCATATGTGTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5901_Genome_Tile|1
CCGATTGCTGACCGTAGGTCATCCATATTATCCTATCAAAAAGCAAAGTGGACGGAACCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt6301_Genome_Tile|1
ACTCCATGCAATACCTCCAATGTCACTGCAGGGGATTGTCCTCCTTTGGAATCACATCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6601_Genome_Tile|1
GAAGGGTTTTTACTAAAGGGGCCTACTACTACATCCCGCGCCTCTGTACAAGCTCACTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt7061_Genome_Tile|1
CCATAACATGTCAAAGCCCTCCGCGGCGCCTGCAAAGAAAAGGACCCCTTACGATGGGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt7241_Genome_Tile|1
AGCGTCTCGCACCATCGTCCACCCACCAGCCACAAAGCGTAAACGGTCCAAGCGTTCCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7281_Genome_Tile|1
TAAACGGTCCAAGCGTTCCTAACTGTGTTGCTGCTGTGGGTGTTGGGTGTACCTGTTGTTGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7321_Genome_Tile|1
TTGGGTGTACCTGTTGTTGTGTATATAATGTGTGTTGTACTGCATGTATGTACGTTGGTT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7341_Genome_Tile|1
GTATATAATGTGTGTTGTACTGCATGTATGTACGTTGGTTGTATGTGCTGTGACTGTGTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt7361_Genome_Tile|1
TGCATGTATGTACGTTGGTTGTATGTGCTGTGACTGTGTGTGTATGGGGCGGGACCCCCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt7381_Genome_Tile|1
GTATGTGCTGTGACTGTGTGTGTATGGGGCGGGACCCCCCCTGGTATGTATGTTTCCTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt7761_Genome_Tile|1
ATGCATTTCTTAATCTATATTGTCTATGTTACTCACACTTCAATAAACTATACTTTTAGG

>HPV106_Alpha_71726710_nt7881_Genome_Tile|1
GCTATTCAACAATGTGTCTTATATAATTGTTCAACAAATTCAAACATGTGTTTACCACAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt0441_Genome_Tile|1
GGACCGCAGACGCATACGTCAAGAAACACAAGTTTAAAGTAACATATGCATGGACCAAAGCC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1081_Genome_Tile|1
CGAAAGTATACAGACAGTATAGAAAGCAGTCCTTTAGCAAAGTCGCCATTACAGGAATTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1101_Genome_Tile|1
AGAAAGCAGTCCTTTAGCAAAGTCGCCATTACAGGAATTATCACTAAATGTAAGCAGTAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1341_Genome_Tile|1
AAACCAGGATCCCTAAATCACCTACTACCCAACCTAAAGTATTATTACAATGTAACAATAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1361_Genome_Tile|1
CTACTACCCAACCTTAAAGTATTATTACAATGTAACAATAAAAAGGCTGCAATGTTAACAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1521_Genome_Tile|1
AAATCCAACCATTTGCGGAAGGGTTTAAACACTAATTAAACAATATGCATTGTATACCCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1541_Genome_Tile|1
GGTTTAAACACTAATTAAACAATATGCATTGTATACCCATATACAATGTTTAGATACAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1561_Genome_Tile|1
CAATATGCATTGTATACCCATATACAATGTTTAGATACAAAAACTGGAATATTAATACTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3041_Genome_Tile|1
GTATGGTATGATGGGGACAAGAGTAACCAATGCATTATGTAGTGTGGGTACAATTTAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3141_Genome_Tile|1
GTGTGGATTACTGGGGTGATATTATATGTATGAACAACAAAAACCTATTACGAAAGGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3381_Genome_Tile|1
CCAAAAAACAACTCGACGTCGTCTCGGAAGTATCCCAGACAGTGGGAATCACTGAGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3581_Genome_Tile|1
AAATGTCTTAGGTATAGGTTGCAAAAACATAACGCTTTGTATGACAATATATCATGTACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3601_Genome_Tile|1
GCAAAAACATAACGCTTTGTATGACAATATATCATGTACATGGCATTGGATAAGGGGTAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3741_Genome_Tile|1
TACCATCTAGTGTAACTGTGTCATTGGGGTATATGACATTATAAGTGTGTATTGACCCAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3761_Genome_Tile|1
TCATTGGGGTATATGACATTATAAGTGTGTATTGACCCACACTGTACACTATATGTATAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3941_Genome_Tile|1
GTGTTTATATTAGTTAGAACTACACCATTTGAGGTGTTTGCTGTATACCTACTTTTTTTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3961_Genome_Tile|1
TACACCATTTGAGGTGTTTGCTGTATACCTACTTTTTTTTTTATACTGCCTATGTGGTTATT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3981_Genome_Tile|1
CTGTATACCTACTTTTTTTTTTATACTGCCTATGTGGTTATTACACAGTCTTACTCTTAATA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4001_Genome_Tile|1
ATACTGCCTATGTGGTTATTACACAGTCTTACTCTTAATACTATAACAGTAACTGTTATAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4021_Genome_Tile|1
ACACAGTCTTACTCTTAATACTATAACAGTAACTGTTATAGTGTGCATTTGTATTGTTGTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4041_Genome_Tile|1
CTATACAGTAACTGTTATAGTGTGCATTTGTATTGTTGTTTATTTGTATAAATAAATATG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4061_Genome_Tile|1
TGTGCATTTGTATTGTTGTTTATTTGTATAAATAAATATGGTTTCACACCGTGCTGCCAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4561_Genome_Tile|1
CTAGTTTTACTAACCCTGCATTTACAGACCCGACTATAATAGAAGTGCCACAAACAGGTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4581_Genome_Tile|1
TTTACAGACCCGACTATAATAGAAGTGCCACAAACAGGTGAGGTGCTCGGTAATGTGTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4961_Genome_Tile|1
ATCCCGAAGAGGAACAGTACGTTTTAGCAGAGTAGGCAAAAAGGCGACCATGTTTACACG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5061_Genome_Tile|1
GATATTAGTAACATTACCCCTGCTGACAGCATTGAACTACAACCATTTGGTTGCCCTGAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5081_Genome_Tile|1

TGCTGACAGCATTGAACTACAACCATTGGTTGCCCCTGAGCAGGCGGACCCTATGGATAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5101_Genome_Tile|1
AACCATTGGTTGCCCCTGAGCAGGCGGACCCTATGGATAACTTATATGATATATATGCAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5121_Genome_Tile|1
CAGGCGGACCCTATGGATAACTTATATGATATATATGCACCTGATACTGACAATACTACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5141_Genome_Tile|1
CTTATATGATATATATGCACCTGATACTGACAATACTACAGTATTAGATACTGCATTTCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5161_Genome_Tile|1
CTGATACTGACAATACTACAGTATTAGATACTGCATTTTCATAATGCTACATTTACTACTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5181_Genome_Tile|1
GTATTAGATACTGCATTTTCATAATGCTACATTTACTACTCGTTCCACATATCAGTTCCT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5201_Genome_Tile|1
TAATGCTACATTTACTACTCGTTCCACATATCAGTTCCTTCATTGGCTTCTGCTGCATC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5221_Genome_Tile|1
GTTCCACATATCAGTTCCTTCATTGGCTTCTGCTGCATCCACTACATATACTAATACTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5261_Genome_Tile|1
CACTACATATACTAATACTACCATTCTCTGGTACTGCTTGGAACACGCCTGTAAATAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5321_Genome_Tile|1
TGGTCCTGATGTTGTATTACCATCTACAACCCACAGTTGCCTTTAACACCCTCTACTCC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5341_Genome_Tile|1
CATCTACAACCCACAGTTGCCTTTAACACCCTCTACTCCAATTGATACAACCTTTGCCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5361_Genome_Tile|1
CCTTTAACACCCTCTACTCCAATTGATACAACCTTTGCCATAACTATATATGGTTCCAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6001_Genome_Tile|1
GGTAAATCTTGTAAGCCTACCAATGTACAACAAGGGGACTGTCCCCCATTTGGAATTGGTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6261_Genome_Tile|1
GCATTTTTTGAATAGGGGAGGCATGGTAGGGGACACTATTCCCCTGACATGTATATTAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6281_Genome_Tile|1
GCATGGTAGGGGACACTATTCCCCTGACATGTATATTAAAGGGCACTGACATTCGTGAAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6301_Genome_Tile|1
CCCCTGACATGTATATTAAAGGGCACTGACATTCGTGAAACTCCTAGTAGTTATGTGTAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6501_Genome_Tile|1
CAGTACTAATTTTACATTGTCCACTACTACAGACTCTACTGTACCAGCTGTGTATGATTC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6721_Genome_Tile|1
TCTGCTAGTCTTGTAGATACATACCGCTACCTACAATCAGCAGCAATTACATGTCAAAAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6821_Genome_Tile|1
TTAACTTTTGAATGTGGATTTAAAGGAAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTCCCAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6841_Genome_Tile|1
TTAAAGGAAAAGTTTAGTTCTGAACTGGACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6861_Genome_Tile|1
TGAAGTGGACCAATTCCCATTAGGACGCAAATTTCTGTTACAGGCAGGTGTTGCGAGACG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7001_Genome_Tile|1
AATAATTGTTATATGTCTTGTGTTTGTATGTTGTTTGTCTGTGTGGTTGTATATGTGTCAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7021_Genome_Tile|1
TTTTGTATGTTGTTTGTCTGTGTGGTTGTATATGTGTCATGTTGGTGTGTTGTTGTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7161_Genome_Tile|1
TGTCCGTGTCTTTGTGGTTGCACCCTGTGACTAACATATGTCCTTGTGTTTACATATAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7261_Genome_Tile|1
AAGGTGTGTTACATTATATGCAATATATTATGGTTGCAAACATATACCGTGTGGCCATTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7281_Genome_Tile|1
CAATATATTTATGGTTGCAAACATATACCGTGTGGCCATTTTGTATGGCCGGGTTGTGTGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7361_Genome_Tile|1
ACTATTTGCTTTTAGATAGTATTAAAACCTATGTGTTTCAGCAAAAACATGTTTTACCTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7381_Genome_Tile|1
ATTAAAACCTATGTGTTTCAGCAAAAACATGTTTTACCTTGAGTTACCCACATAGTTGGC

>HPV68a_Alpha_71726685_nt7401_Genome_Tile|1
GCAAAAACATGTTTTACCTTGAGTTACCCACATAGTTGGCACCAGTAACAGTCGTACTGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7541_Genome_Tile|1
AAACTGCTTTTAGGCATAAAGTTTTAACTGTTTTTGCTTGCCTAATAGCATAGTTGGCCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7601_Genome_Tile|1
GTATAACTACTTTTGCATTCAAGAATCTGTCTGGTAGTGTAAAGTTATACAGTGACTAATA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7621_Genome_Tile|1
AAGAATCTGTCTGGTAGTGTAAAGTTATACAGTGACTAATACTACATCCATAAATTTGTGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7681_Genome_Tile|1
AACCGAAAAAGGTTGGGCACACATACCAATACTTTTACTTATAACATTTTACAATTATTC
>HPV80_Beta_2911565_nt0281_Genome_Tile|1
AGGTTTTGTCAAAGATTTTAACTTATATAGAGTTAGTAAGTTTTGATCGCAAATGTTTG
>HPV80_Beta_2911565_nt0421_Genome_Tile|1
TACATTTTATGAACAGTCAGTGTGTGGTTGGGAGATTGAGGTAGTTGAGCGAAAAGCTGT
>HPV80_Beta_2911565_nt0461_Genome_Tile|1
GTAGTTGAGCGAAAAGCTGTTGGAGACATTACTATTCGTTGCAAATTTTGTTTAAAGAAA
>HPV80_Beta_2911565_nt1481_Genome_Tile|1
GTATTAACGTGTGTATGCTGTACAAGACGAACTATTAGAAAGTTCCAAACAACCTTTTAATT
>HPV80_Beta_2911565_nt1641_Genome_Tile|1
TAACATAATCTTTTGCAAGTATCAGAAGTACAAATAATAGCTGAACCGCCAAAACCTTAGAA
>HPV80_Beta_2911565_nt2081_Genome_Tile|1
TCAGATATTGTAAAGTTTATTAGATATCAAGAGATTAATTTTATTTCAGTTTTTAAATGCG
>HPV80_Beta_2911565_nt2101_Genome_Tile|1
TAGATATCAAGAGATTAATTTTATTTCAGTTTTTAAATGCGTTTAAATTGTTTTTACACAA
>HPV80_Beta_2911565_nt2121_Genome_Tile|1
TTATTTCAGTTTTTAAATGCGTTTAAATTGTTTTTACACAATACTCCAAAAGAAAAGCTGCT
>HPV80_Beta_2911565_nt3041_Genome_Tile|1
GGTTTATACTGTCTGGTCCCACATTTATTATCAGACTTTAGATGATACATGGAAGAAAGT
>HPV80_Beta_2911565_nt3921_Genome_Tile|1
CGTTCACGGATGTTACTTGCATTTACTTCAAACACTGAGAGACAGCTTTTTTATTAACATA
>HPV80_Beta_2911565_nt4021_Genome_Tile|1
TAGATGATTGTAGCCCATGTGCCTGTAATTAACATAACAAGCGCTATTTTTTGCTTTTGC
>HPV80_Beta_2911565_nt4881_Genome_Tile|1
AGTTCAGTCTCTTTCAAGTCTTCGAAGAGCTTTATATAACCGAAGATTAAGTGAACAAGT
>HPV80_Beta_2911565_nt5421_Genome_Tile|1
AGATCATATAGAAGATTTTAGCGGGTCTCAATTAGTATTTGGTAATGCAAGGCGTAGTAC
>HPV80_Beta_2911565_nt5441_Genome_Tile|1
GCGGGTCTCAATTAGTATTTGGTAATGCAAGGCGTAGTACTACTACATACACAGTTCCTC
>HPV80_Beta_2911565_nt5501_Genome_Tile|1
GATTTTGAGTCTCCTAGAAATACTGGATTTTATATTCAGGATGTTTCAGGGCTATAATGTAG
>HPV80_Beta_2911565_nt6101_Genome_Tile|1
GGACACAGAAAATAAGTGGCTACCAGGGAGGTTCTACTGATGACAGACAGAATACTTC
>HPV80_Beta_2911565_nt6241_Genome_Tile|1
GTGCATCAGAAGAAAATAACCAAGCTGGAAAATGTCCTCCATTAGAACTTAAAAATACTG
>HPV80_Beta_2911565_nt6761_Genome_Tile|1
AAACACTAATTTACCATTAAGTGTTACTTCTGATGGTAGTACTATAACTGAATATAATAC
>HPV80_Beta_2911565_nt7141_Genome_Tile|1
TAGGAAGGAAATTTATATTTTCAGGCAGGTTTACAAAGACGTCCCAAACCATCAGATCTT
>HPV77_Alpha_2911558_nt0061_Genome_Tile|1
AGAGACATATAAAAAGGCGTCAGTACAGCCTGGCAGTAGCTATGTCTACAAGTGATGGAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt3861_Genome_Tile|1
GCCATTTTAGGCCACATGTCTGTATTTACATAGAACTGTGCTACACTGCTATTTAGCCCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt4061_Genome_Tile|1
TACAGGTTGTTTCTCGCATTTGCACGCAATAATCAGTAACACTACCATGTATCCTATCATA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4181_Genome_Tile|1

TTGGGTTTGTAACTGTTTGTATGCTTATTATTGTTTATTGTATATAGACACTTGGGA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4201_Genome_Tile|1
TGTATGCTTATTATTGTTTATTGTATATAGACACTTGGGATTATTGTAATGTTGTATGCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt4221_Genome_Tile|1
TTGTATATAGACACTTGGGATTATTGTAATGTTGTATGCTGCACCTTATAGATGTGGTGTA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4241_Genome_Tile|1
TTATTGTAATGTTGTATGCTGCACCTTATAGATGTGGTGTACTTGTATTTTCATACGTGGCC
>HPV77_Alpha_2911558_nt4261_Genome_Tile|1
GCACCTTATAGATGTGGTGTACTTGTATTTTCATACGTGGCCATTGGATTGTGTATGTGTAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt4281_Genome_Tile|1
CTTGTATTTTCATACGTGGCCATTGGATTGTGTATGTGTACTTGCCTTTGTACCACTTTTT
>HPV77_Alpha_2911558_nt4301_Genome_Tile|1
ATTGGATTGTGTATGTGTACTTGCCTTTGTACCACTTTTTTTGTGTTTGTGTTTTGTTTT
>HPV77_Alpha_2911558_nt4321_Genome_Tile|1
TTGCTTTTGTACCACTTTTTTTGTGTTTGTGTTTTGTTTTTTCTTTCAGTTGAATAAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4841_Genome_Tile|1
TAGTTACTAGCACAACTTCACTAATCCTTGTATACTGAGCCGTCACCTGGTAGAAGTGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5461_Genome_Tile|1
GATGTAGACGATGCTGACGTGGCCTTTACGAACAGTGGTCGCAATCTTACCTCTTTTGGG
>HPV77_Alpha_2911558_nt5501_Genome_Tile|1
GCAATCTTACCTCTTTTGGGGTTCGCGGTGCATCGTCCTCCCTTCTGCACTGTCCA
>HPV77_Alpha_2911558_nt5521_Genome_Tile|1
GGTCGCGGTGCATCGTCCTCCCTCCCTTCTGCACTGTCCACTAAGATTGGCAATGTAACA
>HPV77_Alpha_2911558_nt5581_Genome_Tile|1
ATTCCATTTATATCTCCGGTGGATGTGCATTTACACACTGGCCCCGACATTGTTTTGCCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6301_Genome_Tile|1
GGGTACCCCTTGTGCACGTACTAATACTACCCAGGAGACTGTCTCCCTTGGAGTTAAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6561_Genome_Tile|1
GACACTTTTTCAATCGTGCGGGTGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCA
>HPV77_Alpha_2911558_nt6581_Genome_Tile|1
GGTGATGTTGGAGACAAAATTCCAGAATCTTTGTACCTCAAAGGGAGTAGCGGGCGTGAG
>HPV77_Alpha_2911558_nt7221_Genome_Tile|1
GTTCCGGTGGTCCCTCTCGCAAACGCCGGCGCCACCCCCTCCCCAGCTTCGACCAAAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt7321_Genome_Tile|1
GTATGTATGTTTACGACAACATATGTATGTGTACTGTGTATTGCATGTGTTTTGTATGGTA
>HPV77_Alpha_2911558_nt7341_Genome_Tile|1
TATGTATGTGTACTGTGTATTGCATGTGTTTTGTATGGTATGTGTGTGTATACAACAAC
>HPV76_Beta_2911551_nt0001_Genome_Tile|1
CAGATTTGTTCCAACAACGATTTTGGCGCGAACATTTTGGCAGCAGAAGAGCGACGGTAA
>HPV76_Beta_2911551_nt0461_Genome_Tile|1
GCAGAAAATATAGCGAACATTATAATAAGGTGTCAATTTTGTGTTGAAACGCCTGGATTTA
>HPV76_Beta_2911551_nt4141_Genome_Tile|1
ACTTTGATAGGTTATAACATTAATTAACCTACTAACCTTGCTTGCACTACTAATATATTA
>HPV76_Beta_2911551_nt4801_Genome_Tile|1
CAACACTAGGGGAATCCGCATTGTGACACCAAATTGTAGTTACCAGTGGCTCAGGTGGCC
>HPV76_Beta_2911551_nt5141_Genome_Tile|1
AGATGTAGCTACTGTTGAGGAGCCACCTAATAGAGACTTTTTGGATATAGCTAAACTAAG
>HPV76_Beta_2911551_nt5161_Genome_Tile|1
AGCCACCTAATAGAGACTTTTTGGATATAGCTAAACTAAGTCGTCCTACTATATTCAGACA
>HPV76_Beta_2911551_nt5261_Genome_Tile|1
AGCCTCTATAAGGACTAGAAGTGGTGCTACTGTAGGGGCTCAGGTACATTTCTATAAAGA
>HPV76_Beta_2911551_nt5581_Genome_Tile|1
GATTTACAACACCCCGAGCAGATACATTTTATGTGCAGGACTTAGAGGGTTATACAGTGT
>HPV76_Beta_2911551_nt6041_Genome_Tile|1
AGATCCCAATAGATTTCGCCTTGGTAGACATGAATGTCTATAATCCTGAGAAGGAAAGACT

>HPV76_Beta_2911551_nt6341_Genome_Tile|1
AGGGGTAGGCAAATGTCCACCTTTGGAACTGGTAAATACTGTAATAGAAGATGGAGATAT
>HPV76_Beta_2911551_nt7141_Genome_Tile|1
AAAAGGATCCATATGAGCAATACAATTTTGGCAAGTGGATCTAACTGAGAAATTGTCAT
>HPV75_Beta_2911544_nt0461_Genome_Tile|1
GCAGAAAGTATACATAATCTTATTGTAAGGTGCCAGTTTTGTCTGAAACGTTTGGATATA
>HPV75_Beta_2911544_nt5121_Genome_Tile|1
CTACTATTGAGGAACCCCCAAATAGGGATTTTTTTAGATATAGCAAAGCTCAGTCGTCCAG
>HPV75_Beta_2911544_nt5241_Genome_Tile|1
TTAGAACCAGGAGTGGGGCTACTGTAGGAGCTCAGGTTTCATTTTTATACAGATTTAAGTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt0061_Genome_Tile|1
CATATAAAAGTAGGAAAGCAAAAACGCTACAGATTGGGAAATGCTGTTTCCCAATTCAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt0121_Genome_Tile|1
AAGAACGACCATACAAGCTACAAGCGTTATGTGACGAAGTGAATATTTCTATACATGATA
>HPV73_Alpha_1491692_nt0141_Genome_Tile|1
CAAGCGTTATGTGACGAAGTGAATATTTCTATACATGATATAAACCTGGACTGTGTGTTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt0301_Genome_Tile|1
GTTTAAAATTTTATTCTAAAATTAGAGAGTATAGGCGATATAGACAATCAGTATATGGCA
>HPV73_Alpha_1491692_nt0321_Genome_Tile|1
ATTAGAGAGTATAGGCGATATAGACAATCAGTATATGGCACTACGTTAGAAAATTTAACT
>HPV73_Alpha_1491692_nt0721_Genome_Tile|1
ACGAAGTGTCAGTGCACAGTATGCCTTGCCATTGAAAGCAACAAAGCTGATTTAAGAGTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt0741_Genome_Tile|1
ATGCCTTGCCATTGAAAGCAACAAAGCTGATTTAAGAGTGATAGAAGAGTTGCTTATGGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1141_Genome_Tile|1
AAAAGAGATGAATTCATAGACAAACAGCTTAGTCCACAAATAAATGTATTGTCAATAAGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt1161_Genome_Tile|1
CAAACAGCTTAGTCCACAAATAAATGTATTGTCAATAAGTAGCGGTAGAAGTACATCTAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt1281_Genome_Tile|1
GACAGAGGTACCGGGACTTGGGGCAGGGGTAGGGTGTTTACAAAATGTTAATGAAGAAGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1321_Genome_Tile|1
CAAAATGTTAATGAAGAAGGCAACCAAAATTGTGTCGCCACGTGAAAGCAGTAGTGGGTCC
>HPV73_Alpha_1491692_nt1421_Genome_Tile|1
CTATAACAGATATTACAAATTTATTACAAAGGAATAATGCAAAAGCAGCATTGCTAGCAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt1581_Genome_Tile|1
AATACCCTCACTTGCAGAAAGTTTAAATCCTTACTAACACAGTATTGTATGTATATACA
>HPV73_Alpha_1491692_nt2141_Genome_Tile|1
GTGATTTAACTAATGATGGTGGTAATTGGAAAGATATTGTGCTATTCCTAAGATATCAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt2161_Genome_Tile|1
GGTAATTGGAAAGATATTGTGCTATTCCTAAGATATCAAAATGTAGAATTTATGCCTTTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt2181_Genome_Tile|1
GCTATTCCTAAGATATCAAAATGTAGAATTTATGCCTTTTTTAATTACATTAAAACAATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt3121_Genome_Tile|1
CAATAGCATGCAATATGTATTTTGGACACATATATATTGTTGGTATGAAGGGGGGTGGGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt3141_Genome_Tile|1
TTTGGACACATATATATTGTTGGTATGAAGGGGGGTGGGCAAAGGTAGGTAGCAAAATAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt3701_Genome_Tile|1
ATGTTTACAACGTATTGCAACAACAACATTTTTTACAACATGTAAAAATACCACAAACT
>HPV73_Alpha_1491692_nt3721_Genome_Tile|1
ACAACAACATTTTTTACAACATGTAAAAATACCACAAACTATTGTAGTTACATCAGGATA
>HPV73_Alpha_1491692_nt3741_Genome_Tile|1
ATGTAAAAATACCACAAACTATTGTAGTTACATCAGGATACATGTCTTTGTAACATTGGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt3761_Genome_Tile|1
ATTGTAGTTACATCAGGATACATGTCTTTGTAACATTGGTTACACAGTATATATGATTCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt3781_Genome_Tile|1

CATGTCCTTTGTAACATTTGGTTACACAGTATATGATTCCTTTGGTATATTTGTATTTTGTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt3801_Genome_Tile|1
TACACAGTATATATGATTCTTTGTATATTTGTATTTTGTTTTGTGTTGGCTTTTGTGTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt3921_Genome_Tile|1
ATAATAACCTTTATACATGTATCACAATCATTGTTAAAAGTATTTTTTTTTATATGTTTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt4001_Genome_Tile|1
ACTTGTACATTACCATGCTACATTACAAATAACATAAACAATTTTACATATATAATAAAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt4021_Genome_Tile|1
CATTACAAATAACATAAAACAATTTTACATATATAATAAACTGCCTAATATTTTTTAGTGTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt4341_Genome_Tile|1
ATTCCATTACAACCTATACGACCATCAGTTGTTACGTCGTGTTGGGCCTTCAGATTCTTCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4361_Genome_Tile|1
ACCATCAGTTGTTACGTCGTGTTGGGCCTTCAGATTCTTCTATTGTTTCATTAGTGGAAGA
>HPV73_Alpha_1491692_nt4401_Genome_Tile|1
ATTGTTTCATTAGTGGAAGAATCAAGTTTATAGAGTCAGGTATACCTGGTCCCTACATCT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4421_Genome_Tile|1
ATCAAGTTTTATAGAGTCAGGTATACCTGGTCCTACATCTATAGTGCCTTCTACTTCAGG
>HPV73_Alpha_1491692_nt4441_Genome_Tile|1
GTATACCTGGTCCCTACATCTATAGTGCCTTCTACTTCAGGGTTTGATATTACAACCTTCTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5081_Genome_Tile|1
TCCTATACCTACTAATGATATTGAAATGCAACCTTTAGTTACACCACAAACACCTAGTAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5141_Genome_Tile|1
AGTAACTGGTAGTAGTATTAATGATGGGTATATGATGTGTTTTTAGACAATGATGTAGA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5161_Genome_Tile|1
ATGATGGGTTATATGATGTGTTTTTAGACAATGATGTAGAAGAGACTGTACTACAACAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5181_Genome_Tile|1
TTTTTAGACAATGATGTAGAAGAGACTGTACTACAACAAACATATACACCTACAAGTATA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5221_Genome_Tile|1
CATATACACCTACAAGTATACATAGTAATAGTTTGTAGTTAGTAGTGATATTTCTACTGCAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5301_Genome_Tile|1
TTTAGTACTGGGTTAGACACACATCCTGGTCCAGATATTGCTTTACCACTACCTTCTACA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5401_Genome_Tile|1
GTCCTATATATATTTATGGGTCAGGTTTTATATTACACCCTAGTTATTATTTGTTAAAGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5601_Genome_Tile|1
TAGCACACGTTTGTGGCTGTGGGACACCCATATTTCCATATCAAGGATTCTCAAAAACG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5861_Genome_Tile|1
AATTAGATGATACTGAAAATGCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5881_Genome_Tile|1
GCTCCTAAATACATTGCTGGACAAAATACAGATGGTAGAGAATGTATGTCAGTGGATTAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6001_Genome_Tile|1
GGCAGCCATGTACTTCACAACTGTTAATACTGGTGATTGTCCCCCACTGGAATTAAAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt6501_Genome_Tile|1
AAGCACTAATTTTCTGTATGTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6521_Genome_Tile|1
GTGTAGGTACACAGGCTAGTAGCTCTACTACAACGTATGCCAACTCTAATTTTAAGGAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6921_Genome_Tile|1
ACGTCCTAAGTTACAAGCTTCTAAACGTTCTGCATCTGCTACCACAAGTGCCACACCTAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7001_Genome_Tile|1
TTTAATAAGTGTAATGTGTATGTGTTGTTTGTGTATGTTACATGTGTTTTGTATGTTTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt7081_Genome_Tile|1
TACTAATACTGTGTGTATGTTTATGTACATGTGTATAACTGTTTGTGTTTATATATATGTAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7141_Genome_Tile|1
GTATTTGTGTGTATGTGTATGTGTATGTGTATGTGTAGTAATGTTTGTATGTATGTTTAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7161_Genome_Tile|1
GTGTATGTGTATGTGTAGTAATGTTTGTATGTATGTTTAAATAAAGTTTATATGTGTGTTT

>HPV73_Alpha_1491692_nt7181_Genome_Tile|1
ATGTTTGTATGTATGTTTAAATAAAGTTTATATGTGTGTTGTGTGGGTGGTTTACTTGACT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7201_Genome_Tile|1
TAAAGTTTATATGTGTGTTGTGTGGGTGGTTTACTTGACTACTGTGCTTCCATTTTGTAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7221_Genome_Tile|1
TGTGGGTGGTTTACTTGACTACTGTGCTTCCATTTTGTATAGTCGCCATTTTACATGCAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7241_Genome_Tile|1
ACTGTGCTTCCATTTTGTATAGTCGCCATTTTACATGCATTAAAGGTAAAAAGGGCAACCG
>HPV73_Alpha_1491692_nt7381_Genome_Tile|1
GGCAACTTGGCAGGGTTTGTTCCTTAACATGTTTCATCCCACGCAAGGTTATAAAGGTAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7581_Genome_Tile|1
TGTTTTTTAAATGCCAAGTAATTGTTTTATAAATGAGTAATAACGTGTTACTCATACTGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt7601_Genome_Tile|1
ATTGTTTTATAAATGAGTAATAACGTGTTACTCATACTGCACCTAAAAAGTTAAACCTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0021_Genome_Tile|1
ATATAAAGGTAGTTGAAAAGAAAAGGGCAACGGCATGGCAGCGTTTGAGGATCCTACACA
>HPV59_Alpha_557236_nt0101_Genome_Tile|1
ATTTGAGCACAACATTGAATATTCTCTGCATGATATTCGCATCAATTGTGTGTTTTGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt0161_Genome_Tile|1
AAGGGGAAC TGCAAGAAAGAGAGGTTATTGAATTTGCTTTTAAATGACTTATTTATAGTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt0201_Genome_Tile|1
TAATGACTTATTTATAGTGTATAGAGACTGTACACCGTATGCAGCGTGTCTGAAATGCAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0221_Genome_Tile|1
ATAGAGACTGTACACCGTATGCAGCGTGTCTGAAATGCATTTTCATTTTATGCAAGAGTAA
>HPV59_Alpha_557236_nt0241_Genome_Tile|1
GCAGCGTGTCTGAAATGCATTTTCATTTTATGCAAGAGTAAGAGAATTAAGATATTATAGA
>HPV59_Alpha_557236_nt0281_Genome_Tile|1
GAGAATTAAGATATTATAGAGATTCCGTGTATGGAGAAACATTAGAGGCTGAAACCAAGA
>HPV59_Alpha_557236_nt0321_Genome_Tile|1
ATTAGAGGCTGAAACCAAGACACCGTTACATGAGCTGCTGATACGCTGTTATAGATGCCT
>HPV59_Alpha_557236_nt0341_Genome_Tile|1
CACCGTTACATGAGCTGCTGATACGCTGTTATAGATGCCTAAAACCTCTATGTCCAACAG
>HPV59_Alpha_557236_nt0361_Genome_Tile|1
ATACGCTGTTATAGATGCCTAAAACCTCTATGTCCAACAGATAAATTAAGCATATAACT
>HPV59_Alpha_557236_nt0401_Genome_Tile|1
ATAAATTAAGCATATAACTGAAAAAAGAAGATTCCATAATATAGCTGGAATATATACAG
>HPV59_Alpha_557236_nt0461_Genome_Tile|1
GACAGTGTCTGTTGGTGTCTGGACCCGAGCAAGACACCTAAGACAGCAACGACAAGCGCGTA
>HPV59_Alpha_557236_nt0481_Genome_Tile|1
ACCCGAGCAAGACACCTAAGACAGCAACGACAAGCGCGTAGTGAAACACTGGTGTAAAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt0501_Genome_Tile|1
ACAGCAACGACAAGCGCGTAGTGAAACACTGGTGTAAAACAATGCATGGACCAAAAGCAA
>HPV59_Alpha_557236_nt0561_Genome_Tile|1
CACTTTGTGACATTGTTTTAGATTTGGAACCACAAAATTATGAGGAAGTTGACCTTGTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt0581_Genome_Tile|1
GATTTGGAACCACAAAATTATGAGGAAGTTGACCTTGTGTGCTACGAGCAATTACCTGAC
>HPV59_Alpha_557236_nt0621_Genome_Tile|1
GCTACGAGCAATTACCTGACTCCGACTCCGAGAATGAAAAAGATGAACCAGATGGAGTTA
>HPV59_Alpha_557236_nt1141_Genome_Tile|1
GTGCAGTATAGAAAACAGTAGTGAGAAAGCGGCGGAGGAAAAAAGCTAAGTCACCATT
>HPV59_Alpha_557236_nt1161_Genome_Tile|1
GTGAGAAAAGCGGCGGAGGAAAAAAGCTAAGTCACCATTACAAGAAATATCAGTAAATG
>HPV59_Alpha_557236_nt1181_Genome_Tile|1
AAAAAAGCTAAGTCACCATTACAAGAAATATCAGTAAATGTTAACCACCCAAAAGTAAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt1201_Genome_Tile|1

ACAAGAAATATCAGTAAATGTTAACCACCCAAAAGTAAAAAGAAGGTTAATAACAGTGCC
>HPV59_Alpha_557236_nt1321_Genome_Tile|1
TACTGGAAATGGGGATAGCAATGGCAGTGTGTGTAGCGACAGTCAAATAGACTGTAGCGA
>HPV59_Alpha_557236_nt1341_Genome_Tile|1
ATGGCAGTGTGTGTAGCGACAGTCAAATAGACTGTAGCGACAGCAGTAACATGGATGTTG
>HPV59_Alpha_557236_nt1361_Genome_Tile|1
AGTCAAATAGACTGTAGCGACAGCAGTAACATGGATGTTGAAAACATAGTTCCAACATCC
>HPV59_Alpha_557236_nt1381_Genome_Tile|1
CAGCAGTAACATGGATGTTGAAAACATAGTTCCAACATCCCCACTAATCAATTGTTACA
>HPV59_Alpha_557236_nt1401_Genome_Tile|1
AAAACATAGTTCCAACATCCCCACTAATCAATTGTTACAGTTATTACATAGCAAAAATA
>HPV59_Alpha_557236_nt1421_Genome_Tile|1
CCCCTAATCAATTGTTACAGTTATTACATAGCAAAAATAAGAAAGCAGCTATGTATGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt1441_Genome_Tile|1
GTTATTACATAGCAAAAATAAGAAAGCAGCTATGTATGCAAAATTTAAAGAATTGTATGG
>HPV59_Alpha_557236_nt2541_Genome_Tile|1
TTATTACATCAAATACAAATCCAGTTACAGATAACAGGTGGCCATATTTAAATAGCAGAT
>HPV59_Alpha_557236_nt2561_Genome_Tile|1
CCAGTTACAGATAACAGGTGGCCATATTTAAATAGCAGATTAAATGGTATTTAAATTTCCA
>HPV59_Alpha_557236_nt2781_Genome_Tile|1
CAGGATCAAATATTAGAACATTATGAAAACGATAGTAAAGACATTAATGAACACATAAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt2801_Genome_Tile|1
TTATGAAAACGATAGTAAAGACATTAATGAACACATAAACTATTGGAAACTGGTGCGTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt2821_Genome_Tile|1
ACATTAATGAACACATAAACTATTGGAAACTGGTGCGTATGGAAAATGTAATTTTATTTG
>HPV59_Alpha_557236_nt2841_Genome_Tile|1
TATTGGAAACTGGTGCGTATGGAAAATGTAATTTTATTTGCAGCAAGAGAGAACAATATA
>HPV59_Alpha_557236_nt2941_Genome_Tile|1
CTAAAAACAAGGCATGTGAAGCTATTGAACTGCAGTCAAACCGTACTTCCACTGTAATGC
>HPV59_Alpha_557236_nt3081_Genome_Tile|1
AACTCAGTTTGTGCCAACTCTCTAACGCCATCTGCAGCAAGGAAAACACAATGCATTAC
>HPV59_Alpha_557236_nt3101_Genome_Tile|1
CTCTAACGCCATCTGCAGCAAGGAAAACACAATGCATTACACAAGCTGGACATTTATATA
>HPV59_Alpha_557236_nt3161_Genome_Tile|1
TTATGTAAATGATGTAGGACAGTGGTGTAACCACAGGAAATGTGGACTTTTGGGGACT
>HPV59_Alpha_557236_nt3181_Genome_Tile|1
AGTGGTGTAACCACAGGAAATGTGGACTTTTGGGGACTATATTATAAAGTGGAAGAGG
>HPV59_Alpha_557236_nt3241_Genome_Tile|1
AACAGGTGTACTATGTAAATTTATACATGATGCCAAAAATATGGGACTACAGACAAGT
>HPV59_Alpha_557236_nt3381_Genome_Tile|1
GGATCTTCTGAGCAACTATCATACCCCTCCGCAACGCCCCCGAAGCCACGTACTTGGGC
>HPV59_Alpha_557236_nt3401_Genome_Tile|1
ATACCCCTCCGCAACGCCCCCGAAGCCACGTACTTGGGCCCCCAAACGTGGAACCGTCA
>HPV59_Alpha_557236_nt3461_Genome_Tile|1
GACGAAGACTGGAAAGCGACCAAGACAGTGTGGATACACACAGCACCCCTCAGTCTACCAG
>HPV59_Alpha_557236_nt3481_Genome_Tile|1
CAAGACAGTGTGGATACACACAGCACCCCTCAGTCTACCAGCGTGTCTAGTGGACTACTGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt3521_Genome_Tile|1
CGTGTCTAGTGGACTACTGTGACAACCCAGTCGTCCGTTTGCATCCAGGCAACAACCCGCG
>HPV59_Alpha_557236_nt3661_Genome_Tile|1
GATTAAAGAAAAGTACACTGGTTATTTGAAAATATTTCTCTACCTGGCATTTGGACAGGAA
>HPV59_Alpha_557236_nt3721_Genome_Tile|1
ACAGAGGATCAGCCAAAACAGGCATTTTAACATTAACATATACAAGCGAAACACAACGCA
>HPV59_Alpha_557236_nt3741_Genome_Tile|1
GGCATTTTAACATTAACATATACAAGCGAAACACAACGCAATGAATTTTGTAGATACTGTA

>HPV59_Alpha_557236_nt3781_Genome_Tile|1
ATGAATTTTGTAGATACTGTAAAAATTCCTAATAGTGTACAAATACATGTTGGGTATATGA
>HPV59_Alpha_557236_nt3801_Genome_Tile|1
AAAATTCCTAATAGTGTACAAATACATGTTGGGTATATGAGTGTGTAATGGTTGTTATGC
>HPV59_Alpha_557236_nt3821_Genome_Tile|1
AATACATGTTGGGTATATGAGTGTGTAATGGTTGTTATGCAAATGTAACACAAGCCAATA
>HPV59_Alpha_557236_nt3981_Genome_Tile|1
CTGTCTATATGTGTGCATATACATGGTTACTAGTATTTGTGTATATTGTGGTTATCACCT
>HPV59_Alpha_557236_nt4001_Genome_Tile|1
ACATGGTTACTAGTATTTGTGTATATTGTGGTTATCACCTCCTCATATGAGTGTTTTTTA
>HPV59_Alpha_557236_nt4021_Genome_Tile|1
GTATATTGTGGTTATCACCTCCTCATATGAGTGTTTTTTACTATATATATTGTTTTTTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt4041_Genome_Tile|1
CCTCATATGAGTGTTTTTTACTATATATATTGTTTTTTATAATTCCACTGTTACTACTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt4061_Genome_Tile|1
CTATATATATTGTTTTTTATAATTCCACTGTTACTACTATATGCCCATGCAATACTGTCC
>HPV59_Alpha_557236_nt4081_Genome_Tile|1
AATTCCACTGTTACTACTATATGCCCATGCAATACTGTCCATACAATAATTGCTGTATAT
>HPV59_Alpha_557236_nt4101_Genome_Tile|1
ATGCCCATGCAATACTGTCCATACAATAATTGCTGTATATTGTAAATTACATTGCACTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt4121_Genome_Tile|1
ATACAATAATTGCTGTATATTGTAAATTACATTGCACTGTATTGTACAGTATATTTTAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt4421_Genome_Tile|1
GTACCGGTGGCAGAACAGGGTACATACCTTTAGGGGGGCGTACAAACACTATAGTAGATG
>HPV59_Alpha_557236_nt4441_Genome_Tile|1
TACATACCTTTAGGGGGGCGTACAAACACTATAGTAGATGTATCGCCTGCTAAACCACCA
>HPV59_Alpha_557236_nt4601_Genome_Tile|1
GTACTTCAGGATTTGAAATATCTACCTCTAGTACAACAACACCAGCTGTTTTGGATATAA
>HPV59_Alpha_557236_nt4621_Genome_Tile|1
TCTACCTCTAGTACAACAACACCAGCTGTTTTGGATATAACCCCAACCTCTTCTGTTCAA
>HPV59_Alpha_557236_nt4641_Genome_Tile|1
ACCAGCTGTTTTGGATATAACCCCAACCTCTTCTGTTCAAATTAGTAGCTCTAGTTTTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt4921_Genome_Tile|1
CAACAAGTTCGGGTGTCTAACGCTGACTTTTTAACACGTCCATCCACATTTGTTACATAT
>HPV59_Alpha_557236_nt4981_Genome_Tile|1
GATAACCTTGCTTATGATCCAATTGATACTACATTAACTTTTGACCCCTCATCAGAGGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt5221_Genome_Tile|1
ATTGAATTGCAACCTCTTGTCTTCTCCAGGCTGCTACTGATGATATATATGATATATAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5241_Genome_Tile|1
TTCTTCCAGGCTGCTACTGATGATATATATGATATATATGCAGATATTACAGATGAAGC
>HPV59_Alpha_557236_nt5281_Genome_Tile|1
GCAGATATTACAGATGAAGCACCTACTAGTACTGCCAACACTGCATTTACAATTCCTAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt5321_Genome_Tile|1
CTGCATTTACAATTCCTAAATCTTCTTTCAAAGTTTGTTCATTAACACGGTCGGCATCTA
>HPV59_Alpha_557236_nt5341_Genome_Tile|1
TCTTCTTTTCAAAGTTTGTTCATTAACACGGTCGGCATCTAGCACCTTTTCAAATGTAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt5421_Genome_Tile|1
GGATGTTCTGTAAATACAGGACCCGATATAGTTTTACCTAATACTAATATTGTTGAACC
>HPV59_Alpha_557236_nt5441_Genome_Tile|1
GACCCGATATAGTTTTACCTAATACTAATATTGTTGAACCCACTTATTCTACTACACCCT
>HPV59_Alpha_557236_nt5461_Genome_Tile|1
AATACTAATATTGTTGAACCCACTTATTCTACTACACCCTTTACCACCATACAGTCTATT
>HPV59_Alpha_557236_nt5481_Genome_Tile|1
CACTTATTCTACTACACCCTTTACCACCATACAGTCTATTAATATAGAAGGCACAAATTA
>HPV59_Alpha_557236_nt5501_Genome_Tile|1

TTACCACCATACAGTCTATTAATATAGAAGGCACAAATTATTTTTTATGGCCTATATATT
>HPV59_Alpha_557236_nt7081_Genome_Tile|1
CTCTACCCCATCACAAAACGTGTTAAGCGTCGCAAGTCTTCCAGAAAATAGTGTTGTTT
>HPV59_Alpha_557236_nt7161_Genome_Tile|1
CATGTTGTATGTTTTGTATTGTTTGCCTGTTTGTATGTTGTGTATATGTACATGTTTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt7301_Genome_Tile|1
AAGGTACTGTCCCTTTATTGTTTCTTTGTCTTATTACACATTATTACACATTGCCCTAC
>HPV59_Alpha_557236_nt7321_Genome_Tile|1
TTTCTTTGTCCCTATTACACATTATTACACATTGCCCTACTTACATAGGTGTGTTTGTTC
>HPV59_Alpha_557236_nt7341_Genome_Tile|1
ATTATTACACATTGCCCTACTTACATAGGTGTGTTTGTTCCTTCATTTTGTCTGAATGT
>HPV59_Alpha_557236_nt7361_Genome_Tile|1
TTACATAGGTGTGTTTGTTCCTTCATTTTGTCTGAATGTCCAGTTTTCATTTGCACAT
>HPV59_Alpha_557236_nt7401_Genome_Tile|1
CCAGTTTTGCATTTGCACATTATATGGCGTCCATTTTATCCTTTAAATCCTCCATTTTGC
>HPV59_Alpha_557236_nt7501_Genome_Tile|1
TTTGAACAATTAATCTGTTTAAACATCAGCAAAACAGTTAATCCCCATCTTGTTTCCTCC
>HPV59_Alpha_557236_nt7521_Genome_Tile|1
AAACATCAGCAAAACAGTTAATCCCCATCTTGTTTCCTCCTACACGCCTAGACTACTAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt7541_Genome_Tile|1
ATCCCCATCTTGTTTCCTCCTACACGCCTAGACTACTAACACAACCTACAAACGCCAAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt7701_Genome_Tile|1
TTTTACTACTTTAATTGCATAATTGGCTTGCAAAACTACTGTGCAATCCAAGAATGTGTC
>HPV59_Alpha_557236_nt7721_Genome_Tile|1
AATTGGCTTGCAAAACTACTGTGCAATCCAAGAATGTGTCTATAATTTATTGTAAAAAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt7761_Genome_Tile|1
TATAATTTATTGTAAAAAACATGACTAAGGTTTTTGTCTATTGTTAAGCAACCGAAAAAGG
>HPV59_Alpha_557236_nt7781_Genome_Tile|1
ATGACTAAGGTTTTTGTCTATTGTTAAGCAACCGAAAAAGGTCGGGCAAGTACATGCACAC
>HPV59_Alpha_557236_nt7821_Genome_Tile|1
TCGGGCAAGTACATGCACACTTTCTACTTATTACTTTTTTACAATCATAGTAATAAAAAAG
>HPV56_Alpha_397053_nt0201_Genome_Tile|1
GTATATTGCAAAAAAGAACTAACACGTGCTGAGGTATATAATTTTGCATGCACTGAATTA
>HPV56_Alpha_397053_nt0221_Genome_Tile|1
AACACGTGCTGAGGTATATAATTTTGCATGCACTGAATTAATAATTAGTGTATAGGGATGA
>HPV56_Alpha_397053_nt0241_Genome_Tile|1
ATTTTGCATGCACTGAATTAATAATTAGTGTATAGGGATGATTTTCCTTATGCAGTGTGCA
>HPV56_Alpha_397053_nt1041_Genome_Tile|1
ATTTATAGACGATTTCATATATACAAAATATACAGGCAGACGCAGAAACAGTCAACAATTG
>HPV56_Alpha_397053_nt1281_Genome_Tile|1
GAAACACCAGAACAGGTAGATGAAGAGGTACAGGGACGTGGGTGCGGGAATACACAAAAT
>HPV56_Alpha_397053_nt1341_Genome_Tile|1
GGAGGCTCACAAAACAGTACCTATAGTAACAATAGTGAGGACTCTGTAATACATATGGAT
>HPV56_Alpha_397053_nt1361_Genome_Tile|1
CTATAGTAACAATAGTGAGGACTCTGTAATACATATGGATATTGATAGAAACAATGAAAC
>HPV56_Alpha_397053_nt2401_Genome_Tile|1
CTAAACTTGGGTTGTTGGATGATGCAACAGAAATATGTTGGAAATATATAGACGATTATT
>HPV56_Alpha_397053_nt3161_Genome_Tile|1
TACAATGGAGATTGTGGGTGGCAAAAAGTGTTCTGGGGTAGACTATAGAGGTATATAT
>HPV56_Alpha_397053_nt3541_Genome_Tile|1
CACACACATCAGCGACACAGACAATACCGACAGTAGAAGTAGAAGTATCAACAACAACAA
>HPV56_Alpha_397053_nt3561_Genome_Tile|1
ACAATACCGACAGTAGAAGTAGAAGTATCAACAACAACAACCACCCTGGTGATAAGACTA
>HPV56_Alpha_397053_nt3741_Genome_Tile|1
ATAAAAAATTATAGCATAATTACAATTATATATAAGGATGAAACACAACGAAACAGCTTTT

>HPV56_Alpha_397053_nt3781_Genome_Tile|1
AACACAACGAAACAGCTTTTTTAAGTCATGTAAAAATTCCAGTAGTGACAGGTTAGTTTG
>HPV56_Alpha_397053_nt4101_Genome_Tile|1
ACATCCTTTTTTAATACATTTATAATATTTTTTGATATTTTTTTACTGTCCTGTGCTGTGT
>HPV56_Alpha_397053_nt4661_Genome_Tile|1
CTAGTACTGTACATGTCTAGTAGTACCCATATAACCAATCCGTTATTTATTGATCCCCCTG
>HPV56_Alpha_397053_nt6061_Genome_Tile|1
GTGTATTGTTGGATGTACTCCCCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGTGTAA
>HPV56_Alpha_397053_nt6081_Genome_Tile|1
CCGCTATGGGTGAACATTGGACTAAAGGTGCTGTGTGTAAAGTCCACACAAGTTACCACAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6381_Genome_Tile|1
GGGCTGGTAAAGTTGGGGAAACAATACCTGCAGAGTTATATTTAAAGGGTAGCAATGGTA
>HPV56_Alpha_397053_nt6801_Genome_Tile|1
TTGGGTTATCCCCGCCAGTGGCCACCAGCCTAGAAGATAAATATAGATATGTTAGAAGCA
>HPV56_Alpha_397053_nt7001_Genome_Tile|1
CAACTGGGCACTAGGTCAAAGCCTGCTGTAGCTACCTCTAAAAAGCGATCTGCTCCTACC
>HPV56_Alpha_397053_nt7041_Genome_Tile|1
AAAAGCGATCTGCTCCTACCTCCACCTCTACACCAGCAAACGTAAAAGGCGGTAGTGTG
>HPV56_Alpha_397053_nt7161_Genome_Tile|1
CTTTATTTTATACTTTGTATGTGTATGTTGTGTTTGTGTAATGTTTGTGTGAAATGTTT
>HPV56_Alpha_397053_nt7321_Genome_Tile|1
GGTGTGTCATTATTGTGGCTTTTGTTTTGTAAAGTTATTGTGTACAGTGTACTATGTGTAT
>HPV56_Alpha_397053_nt7381_Genome_Tile|1
TGTGCATACATATATATACCATAACATACTCCATTTTGTGTTTTTCCGCCATTTTGTAC
>HPV56_Alpha_397053_nt7461_Genome_Tile|1
ATGGCCTAGTGCCATTATTTAAACTAAAAGGAATTCGGTTGCATGGCCTAGTGCCATTAT
>HPV56_Alpha_397053_nt7481_Genome_Tile|1
AAACTAAAAGGAATTCGGTTGCATGGCCTAGTGCCATTATTTAAACCAAAAAGGCCCTTTT
>HPV56_Alpha_397053_nt7581_Genome_Tile|1
TGTTTTTATACTTGAATTATGTACAGTACCGCACCCCTGTATTACTCACAGGTACTATGACT
>HPV56_Alpha_397053_nt7741_Genome_Tile|1
AGGCCAAGTATCTGTCAGTATCTGTTTTGCAAACATGTAACATAACAATTACTCATTTTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt0061_Genome_Tile|1
CGGTGTATATATATAGAACACAGTGTAGCTAACGCACGGCCATGTTTGAGGATCCAGCAA
>HPV52_Alpha_397038_nt0201_Genome_Tile|1
AAAAAAGAGCTACAACGAAGAGAGGTATACAAGTTTCTATTTACAGATTTACGAATAGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt0221_Genome_Tile|1
AGAGGTATACAAGTTTCTATTTACAGATTTACGAATAGTATATAGAGACAATAATCCATA
>HPV52_Alpha_397038_nt0241_Genome_Tile|1
TTACAGATTTACGAATAGTATATAGAGACAATAATCCATATGGCGTGTGTATTATGTGCC
>HPV52_Alpha_397038_nt0261_Genome_Tile|1
TATAGAGACAATAATCCATATGGCGTGTGTATTATGTGCCTACGCTTTTTATCTAAGATA
>HPV52_Alpha_397038_nt0301_Genome_Tile|1
TACGCTTTTTTATCTAAGATAAGTGAATATAGGCATTATCAATATTTCACTGTATGGGAAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt0321_Genome_Tile|1
AGTGAATATAGGCATTATCAATATTTCACTGTATGGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt0341_Genome_Tile|1
ATATTTCACTGTATGGGAAAACATTAGAAGAGAGGGTAAAAAACCATTAAGTGAAATAAC
>HPV52_Alpha_397038_nt0381_Genome_Tile|1
AAACCATTAAGTGAAATAACTATTAGATGTATAATTTGTCAAACGCCATTATGTCCTGAA
>HPV52_Alpha_397038_nt0421_Genome_Tile|1
AAACGCCATTATGTCCTGAAGAAAAAGAAAGACATGTTAATGCAAACAAGCGATTTTCATA
>HPV52_Alpha_397038_nt0521_Genome_Tile|1
GAGACCCCGACCTGTGACCCAAGTGTAACGTCATGCGTGGAGACAAAGCAACTATAAAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt0701_Genome_Tile|1

CCACAAGCAATTACTACATTGTGACATATTGTGCACAGTTGTGATAGCACACTACGGCTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt0721_Genome_Tile|1
GTGACATATTGTGCACAGTTGTGATAGCACACTACGGCTATGCATTCATAGCACTGCGACG
>HPV52_Alpha_397038_nt0741_Genome_Tile|1
TGATAGCACACTACGGCTATGCATTCATAGCACTGCGACGGACCTTCGTACTCTACAGCA
>HPV52_Alpha_397038_nt1121_Genome_Tile|1
ACGAAAGTTTACAAGCAGTCCGGAAGTGCTGGCAAGATGGTGTAGAAAAACATGGTAG
>HPV52_Alpha_397038_nt1141_Genome_Tile|1
CGGAAAGTGCTGGGCAAGATGGTGTAGAAAAACATGGTAGTCCGCGTGCAAAACACATTT
>HPV52_Alpha_397038_nt1161_Genome_Tile|1
GGTGTAGAAAAACATGGTAGTCCGCGTGCAAAACACATTTGTGTAAATACAGAGTGTGTT
>HPV52_Alpha_397038_nt1181_Genome_Tile|1
TCCGCGTGCAAAACACATTTGTGTAAATACAGAGTGTGTTTTACCAAAACGCAAACCATG
>HPV52_Alpha_397038_nt1321_Genome_Tile|1
ACTGGCAAAGTAACAGTAGTCAATCAAGTGGGGTGGGGGCTAGTAATTCAGATGTAAGTT
>HPV52_Alpha_397038_nt1341_Genome_Tile|1
CAATCAAGTGGGGTGGGGGCTAGTAATTCAGATGTAAGTTGTACTAGTATAGAGGACAAT
>HPV52_Alpha_397038_nt1361_Genome_Tile|1
TAGTAATTCAGATGTAAGTTGTACTAGTATAGAGGACAATGAGGAAAATAGTAATAGAAC
>HPV52_Alpha_397038_nt1381_Genome_Tile|1
GTACTAGTATAGAGGACAATGAGGAAAATAGTAATAGAACGCTAAAAAGCATACAAAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt1401_Genome_Tile|1
GAGGAAAATAGTAATAGAACGCTAAAAAGCATACAAAATATTATGTGCGAAAATAGCATA
>HPV52_Alpha_397038_nt1421_Genome_Tile|1
GCTAAAAAGCATACAAAATATTATGTGCGAAAATAGCATAAAAAACAACGTATTATTTAA
>HPV52_Alpha_397038_nt1441_Genome_Tile|1
TTATGTGCGAAAATAGCATAAAAAACAACGTATTATTTAAATTTAAAGAAACATATGGTG
>HPV52_Alpha_397038_nt1461_Genome_Tile|1
AAAACAACGTATTATTTAAATTTAAAGAAACATATGGTGTTAGCTTTATGGAATTAGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt1561_Genome_Tile|1
GTATTATAGGAATGGGAGTAACACCATCAGTTGCAGAAGGATTAAAAGTATTAATACAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt2561_Genome_Tile|1
AGGAACAGATCCTAGGTGGCCATATTTACATAGTAGATTGGTTGTGTTTCATTTCAAAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt2841_Genome_Tile|1
GAAATTGACTCGAATGGAATGTGTTTTGTTTTACAAAGCAAAGGAACTGGGAATAACTCA
>HPV52_Alpha_397038_nt2981_Genome_Tile|1
AGGCATTAAACAAAACACAATATAGCACAGATGGATGGACATTACAACAAACAAGTCTAG
>HPV52_Alpha_397038_nt3041_Genome_Tile|1
AAATGTGGCGTGCGAACCACAAAAATACTTTAAAAAACATGGGTATACAATAACAGTGC
>HPV52_Alpha_397038_nt3061_Genome_Tile|1
CAAAAATACTTTAAAAAACATGGGTATACAATAACAGTGCAATACGATAATGATAAAAAAC
>HPV52_Alpha_397038_nt3101_Genome_Tile|1
AATACGATAATGATAAAAAACAATACTATGGATTATACAAACTGGAAGGAAATTTATTTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt3121_Genome_Tile|1
AATACTATGGATTATACAAACTGGAAGGAAATTTATTTACTTGGTGAGTGTGAATGTACA
>HPV52_Alpha_397038_nt3141_Genome_Tile|1
CTGGAAGGAAATTTATTTACTTGGTGAGTGTGAATGTACAATTGTAGAAGGACAAGTAGA
>HPV52_Alpha_397038_nt3161_Genome_Tile|1
TTGGTGAGTGTGAATGTACAATTGTAGAAGGACAAGTAGATTACTATGGGTTATATTATT
>HPV52_Alpha_397038_nt3181_Genome_Tile|1
ATTGTAGAAGGACAAGTAGATTACTATGGGTTATATTATTGGTGTGATGGAGAAAAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt3241_Genome_Tile|1
TATTTTGTAAAAATTTAGTAACGATGCAAAGCAATATTGTGTAACAGGAGTATGGGAAGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt3361_Genome_Tile|1
ACTGAAACTGCTGTCCACCTATGCACCGAAACCTCCAAGACCTCCGCAGTGTCCGTGGGT

>HPV52_Alpha_397038_nt3401_Genome_Tile|1
CCTCCGCAGTGTCCGTGGGTGCCAAAGACACACACCTACAACCACCACAGAAACGACGAC
>HPV52_Alpha_397038_nt3481_Genome_Tile|1
AGAAACACCAAGTACCCCAACAACCTTTTGC GGGGACAACAATCCGTGGACAGTACTACA
>HPV52_Alpha_397038_nt3541_Genome_Tile|1
CGGGGACTCGTCACTGCAACTGAGTGCACAAACAAAGGACGGGTTGCACATACAACCTTGT
>HPV52_Alpha_397038_nt3581_Genome_Tile|1
GGGTTGCACATACAACCTTGTACTGCACCTATAATACACCTAAAAGGTGATCCTAATAGTT
>HPV52_Alpha_397038_nt3801_Genome_Tile|1
TAAATATACCAAATACTGTGCAAGTTATACAAGGTGTCATGTCATTGTGATATTTGTACAT
>HPV52_Alpha_397038_nt3961_Genome_Tile|1
TTTTTGCTTATGGTGT TTTGTG CAGTGCTTAGGCCGCTCTTGCTATCTATATCGGTGTATG
>HPV52_Alpha_397038_nt4041_Genome_Tile|1
CTTTTGCTATGGGTATCTATTGGGTCACCATTTAAAGTGTTTTTTTTGTACCTACTGTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt4101_Genome_Tile|1
TTATATTTTCCAATGTTTTGTATTCACTGTCATGCACAGTATTTGGCACAACCTGCAATAA
>HPV52_Alpha_397038_nt4121_Genome_Tile|1
TATTCACCTGTCATGCACAGTATTTGGCACAACCTGCAATAACTGTACATGTAGATTGGCTA
>HPV52_Alpha_397038_nt4161_Genome_Tile|1
CTGTACATGTAGATTGGCTACATGCATATATGCAAAATATACTTTTTTCACTTTTGTAGTT
>HPV52_Alpha_397038_nt4181_Genome_Tile|1
CATGCATATATGCAAAATATACTTTTTTCACTTTTGTAGTTTGTCTAATAAAATACTTTTTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt4241_Genome_Tile|1
ATTTTTTTAATAGCTTGTGTCGAATGAGATACAGACGGTCTACACGGCACAAACGTGCTTCT
>HPV52_Alpha_397038_nt4481_Genome_Tile|1
TTGTCCACTCGTCCTCCCACTAGTAGTATTACCACGTCCACCATTTCGTCCCCCTGTAACCT
>HPV52_Alpha_397038_nt4501_Genome_Tile|1
TAGTAGTATTACCACGTCCACCATTTCGTCCCCCTGTAACCTGTAGAACCCATTGGTCCCTT
>HPV52_Alpha_397038_nt4521_Genome_Tile|1
CCATTTCGTCCCCCTGTAACCTGTAGAACCCATTGGTCCCTTAGAACCATCTATAGTTTCTA
>HPV52_Alpha_397038_nt4541_Genome_Tile|1
GTAGAACCCATTGGTCCCTTAGAACCATCTATAGTTTCTATGATAGAAGAAACAACATTT
>HPV52_Alpha_397038_nt4761_Genome_Tile|1
CTATAATACAGCCCCCGGCACCTGCAGAAGCATCTGGTCATGTATTGTTTCTAGTCCAA
>HPV52_Alpha_397038_nt4781_Genome_Tile|1
CCTGCAGAAGCATCTGGTCATGTATTGTTTCTAGTCCAACCTATTAGTACACACACCTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt4841_Genome_Tile|1
GAAGAAATCCCTATGGATACATTTGTACCTCTACTGACAGCAGCAGTGTAACAAGTAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt4961_Genome_Tile|1
CAGGTTAAGGTAGTCGACCCTGCTTTTATGTCATCACCACAGAAATTAGTAACATATAAC
>HPV52_Alpha_397038_nt4981_Genome_Tile|1
TGCTTTTATGTCATCACCACAGAAATTAGTAACATATAACAATCCTGTTTTTGAGGGCGT
>HPV52_Alpha_397038_nt5001_Genome_Tile|1
AGAAATTAGTAACATATAACAATCCTGTTTTTGAGGGCGTTGATACAGATGAAACTATAA
>HPV52_Alpha_397038_nt5021_Genome_Tile|1
AATCCTGTTTTTGAGGGCGTTGATACAGATGAACTATAATTTTTGATCGTTCACAACCTT
>HPV52_Alpha_397038_nt5241_Genome_Tile|1
ATATTAGTCCTATCCAGCCTGCTGAAGTTCAGGAAGACATAGAATTGCAACCTTTATTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt5261_Genome_Tile|1
GCTGAAGTTCAGGAAGACATAGAATTGCAACCTTTATTACCACAGTCTGTGTCCCCTTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt5281_Genome_Tile|1
AGAATTGCAACCTTTATTACCACAGTCTGTGTCCCCTTACACTATTAATGATGGTTTGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt5301_Genome_Tile|1
CACAGTCTGTGTCCCCTTACACTATTAATGATGGTTTGTATGATGTGTATGCAGATTCTT
>HPV52_Alpha_397038_nt5341_Genome_Tile|1

TGATGTGTATGCAGATTCTTTGCAGCAACCCACGTTTCACTTACCTTCCACACTTTCTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt5381_Genome_Tile|1
TTACCTTCCACACTTTCTACCCATAATAATACTTTCACTGTACCTATTAATAGTGGTATT
>HPV52_Alpha_397038_nt5401_Genome_Tile|1
CCATAATAATACTTTCACTGTACCTATTAATAGTGGTATTGACTTTGTATATCAACCCAC
>HPV52_Alpha_397038_nt5421_Genome_Tile|1
TACCTATTAATAGTGGTATTGACTTTGTATATCAACCCACTATGTCCATTGAGTCAGGTC
>HPV52_Alpha_397038_nt5441_Genome_Tile|1
GACTTTGTATATCAACCCACTATGTCCATTGAGTCAGGTCCTGACATTCCATTACCTTCG
>HPV52_Alpha_397038_nt5461_Genome_Tile|1
TATGTCCATTGAGTCAGGTCCTGACATTCCATTACCTTCGTTACCCACACATACTCCTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt5501_Genome_Tile|1
TTACCCACACATACTCCTTTTGTTCCTATAGCCCCTACAGCTCCATCTACATCTATTATT
>HPV52_Alpha_397038_nt5521_Genome_Tile|1
TGTTCCCTATAGCCCCTACAGCTCCATCTACATCTATTATTGTTGATGGTACAGATTTTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt5761_Genome_Tile|1
CTCGATTACTAACAGTAGGACATCCCTATTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAATG
>HPV52_Alpha_397038_nt5781_Genome_Tile|1
CATCCCTATTTTCTATTAAAAACACCAGTAGTGGTAATGGTAAAAAAGTTTGTAGTTCCC
>HPV52_Alpha_397038_nt5801_Genome_Tile|1
AAACACCAGTAGTGGTAATGGTAAAAAAGTTTGTAGTTCCCAAGGTGTCTGGCCTGCAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt6161_Genome_Tile|1
TAAGGGAACCCCTTGTAAATAATAATTCAGGAAATCCTGGGGATTGTCCCTCCCCTACAGCT
>HPV52_Alpha_397038_nt6461_Genome_Tile|1
TGTGCCAGGTGATTTATATATACAAGGGTCTAACTCTGGCAATACTGCCACTGTACAAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt6781_Genome_Tile|1
TTCAATTGTGCAAAATTACATTAACAGCTGATGTTATGACATACATTATAAGATGGATG
>HPV52_Alpha_397038_nt7041_Genome_Tile|1
CCTTTAGGTAGGAAGTTTTTGTTCAGGCAGGGCTACAGGCTAGGCCCAAACATAAAACGC
>HPV52_Alpha_397038_nt7081_Genome_Tile|1
CTAGGCCCAAACATAAAACGCCCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGAAGAAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt7101_Genome_Tile|1
CCTGCATCATCGGCCCCACGTACCTCCACAAAGAAGAAAAAGGTTAAAGGTAACCATTG
>HPV52_Alpha_397038_nt7121_Genome_Tile|1
TACCTCCACAAAGAAGAAAAAGGTTAAAGGTAACCATTGTCTGTTGGGTAATTGTCTGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7161_Genome_Tile|1
TCTGTTGGGTAAATTGTCTGTGTGCATGTATGTGTTGTGTATGTCAAACACAGGTTAAAGG
>HPV52_Alpha_397038_nt7201_Genome_Tile|1
GTCAAACACAGGTTAAAGGTAACCATTGTTTGTATGTAATTGTTTTGTGTGTGTACTG
>HPV52_Alpha_397038_nt7221_Genome_Tile|1
TAACCATTGTTTGTATGTAATTGTTTGTGTGTGTACTGTGTTGTTTGCATGTTATGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt7321_Genome_Tile|1
ATGTTTTGTGTATGTATTAATAAAGTACTGTATTTACTAAACTATTTATAGTAGTCTTAT
>HPV52_Alpha_397038_nt7341_Genome_Tile|1
TAAAGTACTGTATTTACTAAACTATTTATAGTAGTCTTATGTTATGTTATGGTTGCACCC
>HPV52_Alpha_397038_nt7361_Genome_Tile|1
ACTATTTATAGTAGTCTTATGTTATGTTATGGTTGCACCCACATGAGTAACAATACAGTT
>HPV52_Alpha_397038_nt7401_Genome_Tile|1
ACATGAGTAACAATACAGTTGCTCCTAATCTATTGCATCTCCTGCCCTACCCTGTGTCCC
>HPV52_Alpha_397038_nt7441_Genome_Tile|1
CCTGCCCTACCCTGTGTCCCCTGCCCTACCCTGTGTCTACTTTGTTACACTACTAATTA
>HPV52_Alpha_397038_nt7461_Genome_Tile|1
CTGCCCTACCCTGTGTCTACTTTGTTACACTACTAATTAGCCTTATACTCTCCATTTTG
>HPV52_Alpha_397038_nt7481_Genome_Tile|1
CTTTGTTACACTACTAATTAGCCTTATACTCTCCATTTTGTACCATTTTGTACTATCCAC

>HPV52_Alpha_397038_nt7501_Genome_Tile|1
GCCTTATACTCTCCATTTTGTACCATTTTGTACTATCCACCATTTTAAATCCTAACCGAA
>HPV52_Alpha_397038_nt7621_Genome_Tile|1
AGTTTCAGCAAACCTGCTTAATCCTTTGGTTTCCTGCAGTCCACTGGTCTACACTTGTGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7641_Genome_Tile|1
TCCTTTGGTTTCCTGCAGTCCACTGGTCTACACTTGTGTGCCGCCTAAACTGACTTCTT
>HPV52_Alpha_397038_nt7681_Genome_Tile|1
CCCGCCTAAACTGACTTCTTGCTGACTCACAGGTCCTGCAGTGCAGCTAAACAATACATT
>HPV52_Alpha_397038_nt7781_Genome_Tile|1
TTTATTTAAACTTTCAATGCTAATTACAGTGTGGCTTACACAAGTACATCCTACGCC
>HPV52_Alpha_397038_nt7801_Genome_Tile|1
ACTAATTACAGTGTTGGCTTACACAAGTACATCCTACGCCAAATATGTCTTGTAACAT
>HPV52_Alpha_397038_nt7821_Genome_Tile|1
ACACAAGTACATCCTACGCCAAATATGTCTTGTAACATGATTAAATACTGTACTCAC
>HPV52_Alpha_397038_nt7861_Genome_Tile|1
GATTAAATACTGTTACTCACCAGGTGTGCACTACACGACCGGTTACGGTTACCGTACCCA
>HPV52_Alpha_397038_nt7881_Genome_Tile|1
CAGGTGTGCACTACACGACCGGTTACGGTTACCGTACCCACAACCACTTTTTTTTATAAT
>HPV45_Alpha_397022_nt0161_Genome_Tile|1
ATTGAATACATCACTACAAGACGTATCTATTGCCTGTGTATATTGCAAAGCAACATTGGA
>HPV45_Alpha_397022_nt0341_Genome_Tile|1
TTATTCAAACCTCTGTATATGGAGAGACACTGGAAAAATACTAATACAGAGTTGTATAA
>HPV45_Alpha_397022_nt1421_Genome_Tile|1
GATAGTAGTGACAATGCAGAAAATGTAGATCCGCATTGCAGTATTACAGAACTAAAGGAG
>HPV45_Alpha_397022_nt1441_Genome_Tile|1
AAATGTAGATCCGCATTGCAGTATTACAGAACTAAAGGAGCTATTACAAGCAAGTAACAA
>HPV45_Alpha_397022_nt3101_Genome_Tile|1
ACCGTCGCAGTGTTTTTAAAAAAGGCGGTAAACCGTGCACGTATACTTTGATGGCAACAA
>HPV45_Alpha_397022_nt3121_Genome_Tile|1
AAGGCGGTAAAACCGTGCACGTATACTTTGATGGCAACAAGGACAACCTGTATGAACATG
>HPV45_Alpha_397022_nt3201_Genome_Tile|1
TATATAACTGAGACAGGGATATGGGACAAAACAGCAGCATGTGTTAGCTATTGGGGTGTA
>HPV45_Alpha_397022_nt3221_Genome_Tile|1
ATGGGACAAAACAGCAGCATGTGTTAGCTATTGGGGTGTATATTATATAAAAGATGGAGA
>HPV45_Alpha_397022_nt3241_Genome_Tile|1
GTGTTAGCTATTGGGGTGTATATTATATAAAAGATGGAGATACCACATATTATGTACAAT
>HPV45_Alpha_397022_nt3261_Genome_Tile|1
TATTATATAAAAGATGGAGATACCACATATTATGTACAATTTAAAAGCGAATGTGAGAAA
>HPV45_Alpha_397022_nt3281_Genome_Tile|1
TACCACATATTATGTACAATTTAAAAGCGAATGTGAGAAATATGGAAATAGTAATACGTG
>HPV45_Alpha_397022_nt3781_Genome_Tile|1
TAACATATAATAGTGAGGTACAAAGAAATACCTTTTTGGATGTAGTTACTATTCCTAACA
>HPV45_Alpha_397022_nt3861_Genome_Tile|1
TACATGACTATATGAATCTGTATATTGTATACAGTATGTAACATTACTATGCTATCTTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt4001_Genome_Tile|1
TGCTTGGTTGTTGGTGTTCCTTTTATAGTTGTTATTACATCCCCATTAACAGCATTTCG
>HPV45_Alpha_397022_nt4021_Genome_Tile|1
TTTTTATAGTTGTTATTACATCCCCATTAACAGCATTTCGCTGTATACATTTGTTGCTATT
>HPV45_Alpha_397022_nt4041_Genome_Tile|1
TCCCCATTAACAGCATTTCGCTGTATACATTTGTTGCTATTTACTACCTATGTTTGTATTA
>HPV45_Alpha_397022_nt4061_Genome_Tile|1
TGTATACATTTGTTGCTATTTACTACCTATGTTTGTATTACATATGCATGCTTTACACAC
>HPV45_Alpha_397022_nt4081_Genome_Tile|1
TACTACCTATGTTTGTATTACATATGCATGCTTTACACACCATAACAATAATTACTATAAT
>HPV45_Alpha_397022_nt4101_Genome_Tile|1

CATATGCATGCTTTACACACCATAACAATAATTACTATAATGTACAGTACAGTGTAACATA
>HPV45_Alpha_397022_nt4181_Genome_Tile|1
GTATTTTTGTATTTTTGTATTTTTGTATTTTTGTATTTTTATATGTTTAATAAACCATGGT
>HPV45_Alpha_397022_nt5001_Genome_Tile|1
TATGAGCCCCCTGGACACCACACTATCCTTTGAGCCTACCAGTAATGTTCCCTGATTCCGAT
>HPV45_Alpha_397022_nt5261_Genome_Tile|1
TGATAGTGACCTGTTTGATGTATATGCAGACTTCCCACCTCCTGCGTCCACTACACCTAG
>HPV45_Alpha_397022_nt5281_Genome_Tile|1
TATATGCAGACTTCCCACCTCCTGCGTCCACTACACCTAGCACTATACACAAATCATTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt5301_Genome_Tile|1
CCTGCGTCCACTACACCTAGCACTATACACAAATCATTTACATATCCAAAGTATTCCTTG
>HPV45_Alpha_397022_nt5341_Genome_Tile|1
CATATCCAAAGTATTCCTTGACCATGCCTTCTACTGCTGCATCCTCTTACAGTAATGTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt5381_Genome_Tile|1
ATCCTCTTACAGTAATGTTACAGTACCATTAACATCTGCATGGGATGTACCTATATATAC
>HPV45_Alpha_397022_nt5421_Genome_Tile|1
TGGGATGTACCTATATATACTGGCCCCGACATTATATTGCCATCCCATACTCCTATGTGG
>HPV45_Alpha_397022_nt5441_Genome_Tile|1
TGGCCCGGACATTATATTGCCATCCCATACTCCTATGTGGCCTAGTACATCTCCTACCAA
>HPV45_Alpha_397022_nt5461_Genome_Tile|1
CATCCCATACTCCTATGTGGCCTAGTACATCTCCTACCAATGCTTCCACCACCACCTATA
>HPV45_Alpha_397022_nt5481_Genome_Tile|1
CCTAGTACATCTCCTACCAATGCTTCCACCACCACCTATATAGGTATTCATGGCACACAA
>HPV45_Alpha_397022_nt5521_Genome_Tile|1
TAGGTATTCATGGCACACAATATTATTTATGGCCATGGTATTATTATTTTCCTAAAAAAC
>HPV45_Alpha_397022_nt5761_Genome_Tile|1
GTTGTACCTAATGGTGCAGGTAATAAACAGGCTGTTCCCTAAGGTATCCGCATATCAGTAT
>HPV45_Alpha_397022_nt6941_Genome_Tile|1
ATGATAAATTAAAGTTTTGGACTGTTGACCTAAAGGAAAAATTTTCCTCCGATTTGGATC
>HPV45_Alpha_397022_nt7161_Genome_Tile|1
ATATATGTATGTTTGTATGTATGGTTTTGTATGTTGTATGTATGTATGTATTTGTGTGAT
>HPV45_Alpha_397022_nt7181_Genome_Tile|1
ATGGTTTTGTATGTTGTATGTATGTATGTATTTGTGTGATATATTACTGTATTTTGTTTG
>HPV45_Alpha_397022_nt7241_Genome_Tile|1
TTTGCGTGCCTGTATGTATGAATGTGCCTTGTGGCATGTATGGTGTACTGTACATAATT
>HPV45_Alpha_397022_nt7281_Genome_Tile|1
TGGTGTACTGTACATAATTGTGGTATTAAATAAAGTATGCTAATAGTGTGTGTAGGGT
>HPV45_Alpha_397022_nt7301_Genome_Tile|1
GTGGTATTAAATAAAGTATGCTAATAGTGTGTGTAGGGTGCACCCCTGTGAGTAACAA
>HPV45_Alpha_397022_nt7341_Genome_Tile|1
TGCACCCCTGTGAGTAACAATACTATTTGTGTGTATGTGTATTGCTTTGTACCCTATATT
>HPV45_Alpha_397022_nt7361_Genome_Tile|1
TACTATTTGTGTGTATGTGTATTGCTTTGTACCCTATATTCTTTCCTGTATTTCAAGTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt7481_Genome_Tile|1
GATTTTCGGTTGCCGTGGCTTATATGTGACCTTTTAAACATAATACCTAAACTGGCACAT
>HPV45_Alpha_397022_nt7501_Genome_Tile|1
TATATGTGACCTTTTAAACATAATACCTAAACTGGCACATTTACAACCCCTACATAGTTT
>HPV45_Alpha_397022_nt7741_Genome_Tile|1
ACCACCTTCTTATCCAACAATCTGTCTACTTGTTACATAAACTATAAACTGACTCACTTA
>HPV40_Alpha_397014_nt0181_Genome_Tile|1
AAATTGATTGTGTGTTTTGCAAGACGGTCCATAAAACAGCTGAGGTACTGGCCTTTGCCT
>HPV40_Alpha_397014_nt0301_Genome_Tile|1
TGGACCTGCACGAAAAGTAAACCAATACAGAACTTTAGATACGCAGCCTATGCACCAA
>HPV40_Alpha_397014_nt0721_Genome_Tile|1
TAAAGTAGTAACTCGGTGTGTATTTTGTCACTGTTTGGTGCCTTAGCAGTGCATTGTTT

>HPV40_Alpha_397014_nt0741_Genome_Tile|1
TATTTTGTCTAGTGTGGTGGCGCTTAGCAGTGCATTGTTCCATCACTGATATAACACAGT
>HPV40_Alpha_397014_nt0921_Genome_Tile|1
TGTTAGTAGAAGCTGTAGTGGATAAACAAACGGGGGATGCTGTATCGGAAGATGAGGATGA
>HPV40_Alpha_397014_nt1001_Genome_Tile|1
GATTTGATATGATAGATTTTATTGATAATAGTGTGTGGCAGAGGAACATGTAGAACTAA
>HPV40_Alpha_397014_nt1341_Genome_Tile|1
GGAAGATACCGTGGGGGGTAGTGGGAGGGTGACCACAGATGAGGCGGAAGCAGTAGAGGT
>HPV40_Alpha_397014_nt1401_Genome_Tile|1
TGTGGAAGACGGCAGTCATGTTATAGACCACTGTAGTCCGCGCACACAACCTAATAGAGCT
>HPV40_Alpha_397014_nt1481_Genome_Tile|1
ATGCTAAGCTGTATGGTAAGTTTAAAGAGCTTTATGGAGTGGGGTTTGGAGACCTGGTAA
>HPV40_Alpha_397014_nt1581_Genome_Tile|1
GTATGCTGTGTTCGGGGTTAATCCACCATAGCCGAGGGCTTTCATACACTGCTGAAAAG
>HPV40_Alpha_397014_nt1621_Genome_Tile|1
TTTCATACACTGCTGAAAAGGCAGGCATTATATTTACATACCCAATGGACGTCATGCAAA
>HPV40_Alpha_397014_nt1741_Genome_Tile|1
GTTAGACAGCTATCCAAAATGTTAAATGTACCTGACAACCAGATACTGGTACAACCGCCT
>HPV40_Alpha_397014_nt2521_Genome_Tile|1
AAACCGTTAGCAGTAATTAAGTGCCCTCCGTTACTGTTAACGTCCAATATAAATATAACA
>HPV40_Alpha_397014_nt2561_Genome_Tile|1
CGTCCAATATAAATATAACACAGGACAGTAAGTACCAATATTTACAAAGTAGGGTTCAAG
>HPV40_Alpha_397014_nt3321_Genome_Tile|1
CACACGTTATATGTTCTCCTAGTACTATCGAGGAACACGGAATACCCATTGTTGAGACTG
>HPV40_Alpha_397014_nt3341_Genome_Tile|1
AGTACTATCGAGGAACACGGAATACCCATTGTTGAGACTGCTGACGCCAGACCCCCGACC
>HPV40_Alpha_397014_nt3481_Genome_Tile|1
ACGAAGAAACGGACACCTGCCCATCACCACTACTGTGGGCAAATCACTCGGAGGAGAGTA
>HPV40_Alpha_397014_nt3501_Genome_Tile|1
CCATCACCACTACTGTGGGCAAATCACTCGGAGGAGAGTACGTGGACACTGCAGACAGAA
>HPV40_Alpha_397014_nt3661_Genome_Tile|1
GTGTTTTAGATATAGACTAGGAAAAGTGTACATTTATTTTGTAAATTCCTCAACTACATG
>HPV40_Alpha_397014_nt3681_Genome_Tile|1
GAAAAGTGTACATTTATTTTGTAAATTCCTCAACTACATGGAGGTGGACCACTGAATCCA
>HPV40_Alpha_397014_nt3801_Genome_Tile|1
TCTTAGCTATTGTAAAAATACCAAAAACAATAAAACATAGCTTGGGTATGTTAACTACTGA
>HPV40_Alpha_397014_nt3821_Genome_Tile|1
CCAAAAACAATAAAACATAGCTTGGGTATGTTAACTACTGATGTAATATATGTATATATGT
>HPV40_Alpha_397014_nt3861_Genome_Tile|1
TGTAATATATGTATATATGTATATATATGGAACACCATCTGTGAAGGGTATTGTCTAGCA
>HPV40_Alpha_397014_nt3961_Genome_Tile|1
TAGAGTCTACGCTTGGCATACTAGTAGTCTATATTGTTTTTTTACTTATTGCACTGTTGA
>HPV40_Alpha_397014_nt3981_Genome_Tile|1
CTAGTAGTCTATATTGTTTTTTTACTTATTGCACTGTTGATCTGTGTGTGTGTCCCTAAT
>HPV40_Alpha_397014_nt4001_Genome_Tile|1
TTTACTTATTGCACTGTTGATCTGTGTGTGTGTCCCTAATCTGTATGTGTGGAGCTCTAT
>HPV40_Alpha_397014_nt4021_Genome_Tile|1
TCTGTGTGTGTGTCCCTAATCTGTATGTGTGGAGCTCTATACTGTCTGCTATCTCCATTT
>HPV40_Alpha_397014_nt4041_Genome_Tile|1
CTGTATGTGTGGAGCTCTATACTGTCTGCTATCTCCATTTTGTGCTTTGTAACATGGGGT
>HPV40_Alpha_397014_nt4061_Genome_Tile|1
ACTGTCTGCTATCTCCATTTTGTGCTTTGTAACATGGGGTGCACCTAACATCTATTACTAA
>HPV40_Alpha_397014_nt4081_Genome_Tile|1
TGTGCTTTGTAACATGGGGTGCACCTAACATCTATTACTAACCTGTTTATCCCTAATACTCT
>HPV40_Alpha_397014_nt4121_Genome_Tile|1

CCTGTTTATCCTAATACTCTTAGTGTGGTATTTGCCTGCGGTGGTCTTCACACATTTAT
>HPV40_Alpha_397014_nt4141_Genome_Tile|1
TAGTGTGGTATTTGCCTGCGGTGGTCTTCACACATTTATTATATATACACATACAGAACC
>HPV40_Alpha_397014_nt4161_Genome_Tile|1
GTGGTCCCTTCACACATTTATTATATATACACATACAGAACCAATTGTAACATGTTGACCTG
>HPV40_Alpha_397014_nt4321_Genome_Tile|1
TTATATAGGTATACCAAGTAATACTTTGTGTAGTAAATAAACATTTTTTTTATATTACAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt4741_Genome_Tile|1
TTCAGTCAGGTGCCCCGTCCCTTACTATTCCAACAGAGGGTGGGTTTTTCAGTAACGTCCT
>HPV40_Alpha_397014_nt4841_Genome_Tile|1
AAATACCGTGCATGTGACAGCCACCACACATCACAATCCTGTCTTTACTGATCCCTCGGT
>HPV40_Alpha_397014_nt5021_Genome_Tile|1
GTCCAGTACACCCGTTCCCTGGTACGTCTGGACGGCCAGGTTGGGACTGTACAGTAAGGC
>HPV40_Alpha_397014_nt5421_Genome_Tile|1
CCACATACACTGGAGACACCACATACACTAGAGACACCACTGGACACTACTGATGCCCTG
>HPV40_Alpha_397014_nt5461_Genome_Tile|1
TGGACACTACTGATGCCCTGTTTGATGTGTATGCAGACATGGATACTATAGATGATGATG
>HPV40_Alpha_397014_nt5481_Genome_Tile|1
TTTGATGTGTATGCAGACATGGATACTATAGATGATGATGCAGCATATGCTACATTCTCA
>HPV40_Alpha_397014_nt5541_Genome_Tile|1
TTACATCCTGCCGATTCTACTCGTATATCTAACACATCCATACCTCTTGCCACGGTTTCT
>HPV40_Alpha_397014_nt5901_Genome_Tile|1
ACTGACTATAGGACATCCATACTTTGAGTTAAAAAACCCAATGGTGACATTTTCAGTGCC
>HPV40_Alpha_397014_nt6141_Genome_Tile|1
TAATAAGGATGAGGATGTGGAAACTCATCTGCCTATGGCACAGGTCCGGGGCAGGATAG
>HPV40_Alpha_397014_nt6301_Genome_Tile|1
GCTTCTCGGGTAACCTTGGGGACTGTCCTGTATTAGAATTAAAACTGAGGTTATTCAG
>HPV40_Alpha_397014_nt6821_Genome_Tile|1
CCCCACACCAACCCCATATAATAACAGTAATTTCAAGGAATATTTGCGTCATGGGGAGG
>HPV40_Alpha_397014_nt6961_Genome_Tile|1
CCTACGTTGTTGGAGGATTGGAACTTTAAAATTGCTCCTCCAGCCTCTGCATCCTTAGAG
>HPV40_Alpha_397014_nt7361_Genome_Tile|1
GAATGTATGTATGTATTGTTTGTGTATGTTTGTGTTTGTGTGTATGTGTCCGTATGGT
>HPV40_Alpha_397014_nt7421_Genome_Tile|1
ACTGTGTATGTATTGTTTGTATGCTGTATACCTACGTTGTGGTTGTGTGTTTAATAAAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt7521_Genome_Tile|1
CTTGTTTCAGTGTTGACCATGTACTTTTTGTGTCTAAATCCTCCATTTTGTACTGCGCGAC
>HPV40_Alpha_397014_nt7781_Genome_Tile|1
AATAAAAAAGTTAGCTAATAGCAGTTTTGGCAAAACATAACACTTGTGGTTAACATAGTAC
>HPV3_Alpha_397005_nt0081_Genome_Tile|1
ATAAAAGGAGGCACATAATGCATGGCAGTAGCCATGTCTATGGATGCAAACTGCCCAAAA
>HPV3_Alpha_397005_nt1481_Genome_Tile|1
GGGTTAGGATTTAATGAACTGATTAGACACTTTAAAAGTAACAAAACAGTATGTAGCGAT
>HPV3_Alpha_397005_nt1561_Genome_Tile|1
TGTATACTGTACATTGGCAGAAAGCTTTAAGACGCTAATACAACCACAGTGCGAATATGC
>HPV3_Alpha_397005_nt2121_Genome_Tile|1
GAGGAGATAAAATACAGGGGGATGGCGATTGGAAACCAATAGTACAGTATTTAAGGTACC
>HPV3_Alpha_397005_nt2161_Genome_Tile|1
AGTACAGTATTTAAGGTACCAGGACGTAGAATTTATACCATTTCTATGCGCTCTGAAATC
>HPV3_Alpha_397005_nt3181_Genome_Tile|1
GACTGGTGTCTCATGAGGGTCTATATTACATGCACGAAGGACAGAAAACTTTTATGTAA
>HPV3_Alpha_397005_nt3821_Genome_Tile|1
CGTAAAGTGCCACCAGGTATTCAAGTGATACTGGGACACATGTCAATGTTACATAATT
>HPV3_Alpha_397005_nt3841_Genome_Tile|1
TTCAAGTGATACTGGGACACATGTCAATGTTACATAATTGTGTCCCCGCATTGTACAGT

>HPV3_Alpha_397005_nt4061_Genome_Tile|1
TTGTACAGAATAACACATAGGTTTTACTATGTATCCTCTGGTACTCACAGACAACAATGG
>HPV3_Alpha_397005_nt4081_Genome_Tile|1
GTTTTACTATGTATCCTCTGGTACTCACAGACAACAATGGCGACCATCTTGTCTTGTTTG
>HPV3_Alpha_397005_nt4101_Genome_Tile|1
GTACTCACAGACAACAATGGCGACCATCTTGTCTTGTTTGTTGAGCCTGGAGACGTGTAC
>HPV3_Alpha_397005_nt4121_Genome_Tile|1
CGACCATCTTGTCTTGTTTGTTGAGCCTGGAGACGTGTACATATTATTGCTGTTTATGTT
>HPV3_Alpha_397005_nt4141_Genome_Tile|1
TTGAGCCTGGAGACGTGTACATATTATTGCTGTTTATGTTAGCTGTCATACTTACATTGT
>HPV3_Alpha_397005_nt4161_Genome_Tile|1
ATATTATTGCTGTTTATGTTAGCTGTCATACTTACATTGTTTATTATGTATAGACATCTG
>HPV3_Alpha_397005_nt4181_Genome_Tile|1
AGCTGTCATACTTACATTGTTTATTATGTATAGACATCTGGGACTCCTGTAAGGTTGTAG
>HPV3_Alpha_397005_nt4201_Genome_Tile|1
TTATTATGTATAGACATCTGGGACTCCTGTAAGGTTGTAGTTGCAGGTCACCTGTATGTA
>HPV3_Alpha_397005_nt4221_Genome_Tile|1
GGACTCCTGTAAGGTTGTAGTTGCAGGTCACCTGTATGTATTCTTCCTTGATGTATATGC
>HPV3_Alpha_397005_nt4281_Genome_Tile|1
CCTAGTGTGGTATTGTACCACCGTCTTTTATACTGCTATGTTTTTTTTTACAGTTCAATA
>HPV3_Alpha_397005_nt4701_Genome_Tile|1
CCACCATACCGACCTTTACTGGTACTGATGGATTTCGAAGTTATTTCTTCAGCCACAACCTA
>HPV3_Alpha_397005_nt4821_Genome_Tile|1
TTAGCAATCCAGCTTTTACAGAACCTTCCCTGTTGGAGGTTCCCTCAGAATGGTGAGGTTT
>HPV3_Alpha_397005_nt4841_Genome_Tile|1
GAACCTTCCCTGTTGGAGGTTCCCTCAGAATGGTGAGGTTTCAGGGCACATACTTATTAGC
>HPV3_Alpha_397005_nt4861_Genome_Tile|1
TCCTCAGAATGGTGAGGTTTCAGGGCACATACTTATTAGCACCCCCACATCTGGTACACA
>HPV3_Alpha_397005_nt5361_Genome_Tile|1
TGGAACCCCTTGATTGCTCCTGCATCTGCCTCAGCCTATGACTCTCTGTATGATGTGTATG
>HPV3_Alpha_397005_nt5441_Genome_Tile|1
ATAGGTTTTACATCTGGAGGTCGTAGTGACACTCTGTCTAGAGGCCGTGCTACAGTGTCC
>HPV3_Alpha_397005_nt5461_Genome_Tile|1
TCGTAGTGACACTCTGTCTAGAGGCCGTGCTACAGTGTCCCCCTGTCTCCACTCTGTC
>HPV3_Alpha_397005_nt5901_Genome_Tile|1
GCTATCCCCAAATCTTCTAATTCCAAGATGGATATTCCCTAAGGTGTCCGCCTTTCAATAT
>HPV3_Alpha_397005_nt6521_Genome_Tile|1
ACATTTTCTTAAACAGAGCTGGTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAA
>HPV3_Alpha_397005_nt6541_Genome_Tile|1
GTATGGCTGGAGACACCGTGCCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTCAGAGCGGCG
>HPV3_Alpha_397005_nt6561_Genome_Tile|1
CCTGACGCGTTGTACATTAAAGGTGACAGTCAGAGCGGCGGTGCGGATAAAAATTGGTAGT
>HPV3_Alpha_397005_nt6781_Genome_Tile|1
TGACATTGTGTGTTTCTACTGAAACCTCGGCTACATATGATGCTACTAAATTTAAAGAGT
>HPV3_Alpha_397005_nt7101_Genome_Tile|1
GATCTTAAAGGATCGTTTTTCCCTGGATCTTTCGCAGTTCCCCCTTGGCAGGAAATTTCTC
>HPV3_Alpha_397005_nt7121_Genome_Tile|1
CCTGGATCTTTCGCAGTTCCCCCTTGGCAGGAAATTTCTCATGCAGCTCGGTGTAGGTAC
>HPV3_Alpha_397005_nt7241_Genome_Tile|1
AAAAAGGAAGCGCACCAAAAAATAGCCACATTTGTGTTTTGTATGTGTAACTGTGTGTA
>HPV3_Alpha_397005_nt7261_Genome_Tile|1
AATAGCCACATTTGTGTTTTGTATGTGTAACCTGTGTGTATGTTTTTTATGTATGTACTG
>HPV30_Alpha_396973_nt0061_Genome_Tile|1
CGGTACATATAAAAGCACTGTACCAAACGGACAGTGTACCCATGGCTTTCAAATTTGAAA
>HPV30_Alpha_396973_nt0141_Genome_Tile|1

ACTGTGCACCATCTTTGTGAGGTACAAGAAACATCGTTGCTGGAGCTACAGCTACAGTGT
>HPV30_Alpha_396973_nt0301_Genome_Tile|1
ATTTCTGTTTATTATTTTATAGTAAAGTAAGAAAGATTAGACATTACAACCTATTCATTGT
>HPV30_Alpha_396973_nt0321_Genome_Tile|1
AGTAAAGTAAGAAAGATTAGACATTACAACCTATTCATTGTATGGGGCAAGCCTAGTGGCA
>HPV30_Alpha_396973_nt0981_Genome_Tile|1
TAATATCAGAGGACGAAACAGAAGAAGATGAGGGCACAGCATCAGATTTAGATGGGTTTC
>HPV30_Alpha_396973_nt1001_Genome_Tile|1
GAAGAAGATGAGGGCACAGCATCAGATTTAGATGGGTTTCTAGACAATAGTAATGTAATA
>HPV30_Alpha_396973_nt1381_Genome_Tile|1
TGATATGGATATAGGCGCCACGCCACCACAGCAAATACAAGAATTATTAATCTAGTAA
>HPV30_Alpha_396973_nt1421_Genome_Tile|1
GAATTATTAATCTAGTAATGTACAGGCAAAGCTGTGTTATAAATTTAAAGAGTTATTT
>HPV30_Alpha_396973_nt1781_Genome_Tile|1
GCCGTTGCATTATACTTTTACAAAACGCAATGTCTAATATTAGTGACATATATGGTGAG
>HPV30_Alpha_396973_nt3141_Genome_Tile|1
TACTGTGGGGACAATGGGTGGACTAAAGTGCCCTTCTGTAGTAGATTACAAAGGTATATAT
>HPV30_Alpha_396973_nt3161_Genome_Tile|1
GACTAAAGTGCCCTTCTGTAGTAGATTACAAAGGTATATATTATGTACATGACGGTAACAA
>HPV30_Alpha_396973_nt3181_Genome_Tile|1
TAGATTACAAAGGTATATATTATGTACATGACGGTAACAAAGGTATATTATACAGACTTTA
>HPV30_Alpha_396973_nt3201_Genome_Tile|1
TATGTACATGACGGTAACAAAGTATATTATACAGACTTTAATGACGAGGCAGTAAAGTAT
>HPV30_Alpha_396973_nt3521_Genome_Tile|1
CCACGCAAACCGTGTCAACACAAACAACACAAACAACAGACAGTGCCCTTGGTGGAGCTAC
>HPV30_Alpha_396973_nt3541_Genome_Tile|1
CAAACAACACAAACAACAGACAGTGCCCTTGGTGGAGCTACATGTTACAACACAGAAGTCG
>HPV30_Alpha_396973_nt3661_Genome_Tile|1
GTTTAAGATATAGGTGTCAAAAACATAAGCACCTATTTGTAAATATATCGTCTACATATC
>HPV30_Alpha_396973_nt3701_Genome_Tile|1
AAATATATCGTCTACATATCATTGGACCAATACACATACAGAGTACAGCTACATTACTGT
>HPV30_Alpha_396973_nt3721_Genome_Tile|1
ATTGGACCAATACACATACAGAGTACAGCTACATTACTGTTGTATATAAAGATGAGACCC
>HPV30_Alpha_396973_nt3741_Genome_Tile|1
GAGTACAGCTACATTACTGTTGTATATAAAGATGAGACCCAGCGTGCCAACTTTTTAAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt3861_Genome_Tile|1
TAACAACACATATGTTGTAATTGGTACAACAAACATGTAATATTGTATTCCACATGTAAA
>HPV30_Alpha_396973_nt4121_Genome_Tile|1
GTTTGTGTTGTCATCGTCCTACATTACTGCATTTACTATATTTTTGCTGTTTTTTTATAT
>HPV30_Alpha_396973_nt4141_Genome_Tile|1
ACATTACTGCATTTACTATATTTTTGCTGTTTTTTTATATACCTTTATTACTTGTATATG
>HPV30_Alpha_396973_nt4481_Genome_Tile|1
CGTGCTGGTTATGTTCCGTTAGGTACACGGCCTACAACAGTTGTGGACGCATCCCCTGCT
>HPV30_Alpha_396973_nt4981_Genome_Tile|1
AAAGGTCACTGACCCACATTCCTTACCAAACCTGAAACATTAATTACTGTGGATAATCC
>HPV30_Alpha_396973_nt5421_Genome_Tile|1
TtagtagtCAAACtACCAATGTTACTATACCTTTGGGTAAATATTGGGATGTTCCCTATTT
>HPV30_Alpha_396973_nt5441_Genome_Tile|1
GTTACTATACCTTTGGGTAAATATTGGGATGTTCCCTATTTATTCGGGCCCCGATATAGTA
>HPV30_Alpha_396973_nt5461_Genome_Tile|1
ATATTGGGATGTTCCCTATTTATTTCGGGCCCCGATATAGTATTGCCTACTGGTCCTACCAC
>HPV30_Alpha_396973_nt5481_Genome_Tile|1
ATTCGGGCCCCGATATAGTATTGCCTACTGGTCCTACCACATGGCCCTATGCCCTCAGG
>HPV30_Alpha_396973_nt5501_Genome_Tile|1
TTGCCTACTGGTCCTACCACATGGCCCTATGCCCTCAGGCCCATTTGACACTACACAT

>HPV30_Alpha_396973_nt7101_Genome_Tile|1
CGCTCGGCCCCAGTTCCTCTACCTCTACACCATCAGCCAAACGCAAGCGGCGGTGATTG
>HPV30_Alpha_396973_nt7161_Genome_Tile|1
TTTGTGTCTGTGTATGTTTCCTTACTATTTATTTGTGCATGAATGTATGTTTTGTATGGA
>HPV30_Alpha_396973_nt7201_Genome_Tile|1
AATGTATGTTTTGTATGGATGTATGTTTTGTTTATATGTTTCTGTATGACTGTATGTAT
>HPV30_Alpha_396973_nt7381_Genome_Tile|1
GTCCTCCACCCTTTTTGGTTGTTGCACACCACTGTGCAGTTACTTTTTATATTTATATTA
>HPV30_Alpha_396973_nt7421_Genome_Tile|1
TACTTTTTTATATTTATATTATACCACCACAGTAGTGTCCATTTTATGCATTTGTGCCCTC
>HPV30_Alpha_396973_nt7441_Genome_Tile|1
TACCACCACAGTAGTGTCCATTTTATGCATTTGTGCCCTCCATTTTACCTTTCAACCGAT
>HPV30_Alpha_396973_nt7561_Genome_Tile|1
AAACACTTAATCCACTGGCATGGTGCCGTTTCCTGCACTTTATGTTTTTTTTTGCAACGT
>HPV27_Alpha_396964_nt0001_Genome_Tile|1
TATGTGGTTTATAATATATAACTATAATCCTTTATTTAAAAATAGGGTGTAACCGAAAAC
>HPV27_Alpha_396964_nt4081_Genome_Tile|1
GTTTTTACAATAATTGTGACATATCGCCACCATTGCTGCTAACCTGTATATATAGTTTT
>HPV27_Alpha_396964_nt4201_Genome_Tile|1
TGTGATATTGTGGGGTCGTGATGATATTGACTGTCTGTTGGTGATTCTCACCCCTATTGG
>HPV27_Alpha_396964_nt4221_Genome_Tile|1
ATGATATTGACTGTCTGTTGGTGATTCTCACCCCTATTGGCTTATTATTGTTGTTGTTTT
>HPV27_Alpha_396964_nt4281_Genome_Tile|1
ATGTCCGTTTGATCCAACACACCTAACACCCCTCACCCCTTTTGATACATTATCTCTTTT
>HPV27_Alpha_396964_nt4601_Genome_Tile|1
TGTAGGTACCAGGCCGACCACTGTGGTTGATATTGGTGTGGCACCCAAGCCACCTGTTGT
>HPV27_Alpha_396964_nt5481_Genome_Tile|1
TACTACCCAGCCCTCGCGGCTCCCTGGCTAATACCACGGTATCTGCCTCCTCTGCATCT
>HPV27_Alpha_396964_nt5901_Genome_Tile|1
CCACCCATATTATTCTATAAAGAAGGGTAGCAATAATAGGTTGGCAGTGCCTAAGGTGTC
>HPV27_Alpha_396964_nt5921_Genome_Tile|1
AGAAGGGTAGCAATAATAGGTTGGCAGTGCCTAAGGTGTCCGGCTACCAATACCGTGTAT
>HPV27_Alpha_396964_nt6761_Genome_Tile|1
CACGGAGTACCAATGTCTCTCTGTGTGCAGCTGAGGTGTCTGATAATACTAATTATAAAG
>HPV27_Alpha_396964_nt7221_Genome_Tile|1
GTAAACGCAAACGGGTGAGGCGTTACGTGTGAGTGTCTCGATAATTTCCCTCTGTCTACCT
>HPV27_Alpha_396964_nt7241_Genome_Tile|1
CGTTACGTGTGAGTGTCTCGATAATTTCCCTCTGTCTACCTTTTACATAATATTTGGTGT
>HPV27_Alpha_396964_nt7261_Genome_Tile|1
ATAATTTCCCTCTGTCTACCTTTTACATAATATTTGGTGTGTTTGTGCTTATGTTTGTGT
>HPV27_Alpha_396964_nt7281_Genome_Tile|1
TTTACATAATATTTGGTGTGTTTGTGCTTATGTTTGTGTTGTTGTTTGTACGTATGTTA
>HPV25_Beta_396948_nt0001_Genome_Tile|1
TAACGGTAAGTCTATTGATACGGGCGCGGTAAATTATTACTCATTCGTACTTGTGCTG
>HPV25_Beta_396948_nt0201_Genome_Tile|1
TGGCAACTGCAAATGCTGAACAGAGCATAGGACCACCAGAGCAAGCGCAGGTTATACAGC
>HPV25_Beta_396948_nt0341_Genome_Tile|1
TGTGGCAACTTTCTAACATATTTAGAGATCTGTGAGTTTGATGAGAAAAGACTTAGTTTG
>HPV25_Beta_396948_nt0461_Genome_Tile|1
TTTGAATTTAATGAATTTTACGAAAGCACTGTAACAGGTAGGGAATTTGAAGACGTTACA
>HPV25_Beta_396948_nt1801_Genome_Tile|1
GGATCAATGGGTTCCGGAGTATTTACATATGGCTCATATCCAGATTGGATAGCCCACCAA
>HPV25_Beta_396948_nt2101_Genome_Tile|1
TCTGAATGGATTTATACTAAAATTCATGAAGTGGAAGGAGAGGGTCAATGGTCCACCATT
>HPV25_Beta_396948_nt2121_Genome_Tile|1

AATTCATGAAGTGGAAGGAGAGGGTCAATGGTCCACCATTGTACAATTTTAAAGGTATCA
>HPV25_Beta_396948_nt2141_Genome_Tile|1
AGGGTCAATGGTCCACCATTGTACAATTTTAAAGGTATCAGCAAGTCAACTTTATAATGT
>HPV25_Beta_396948_nt2281_Genome_Tile|1
AAATCAGCTTTTACTATGTCATTGATAAAAGTGTTAAAGGGTAGGGTATTATCATTCCTGT
>HPV25_Beta_396948_nt2481_Genome_Tile|1
TAAACACAAGGCACCAATGCAGACAAAATTCCTGCACTATTGCTTACATCCAATATAAA
>HPV25_Beta_396948_nt4521_Genome_Tile|1
CCTTTGGGAGAAGGTCCGATACGTGTTGGTGGAAACCCCCACGGTTATTAGACCTTCTTTA
>HPV25_Beta_396948_nt4721_Genome_Tile|1
AATACATCCTGGGCCTGTTGTACCTCCACTGACACCCCGGTGACAACAACCTTCTAGAGG
>HPV25_Beta_396948_nt5201_Genome_Tile|1
GGACGAAGTTACACAAATTTTGTAGCAGGATTTAAATGATTTTCAGGAGCCTCCTGACAG
>HPV25_Beta_396948_nt5661_Genome_Tile|1
CGTGTGAAACTACACGCTCTGCATCATATTATACCCAAGATATTCAGGGATACTATGTG
>HPV25_Beta_396948_nt5681_Genome_Tile|1
TGCATCATATTATACCCAAGATATTCAGGGATACTATGTGTCTTATCCTGAGGATAGAGA
>HPV25_Beta_396948_nt6041_Genome_Tile|1
TAATGTGTACAACGTCCAAGGCTCTAAATTGCAAATTCCAAAGTGTGAGAAATCAACA
>HPV25_Beta_396948_nt6741_Genome_Tile|1
TTTTACATACCACCTAACAGTAGTCAGGCTCAATATAATAATCTAGGTAACCTCAATGTAT
>HPV25_Beta_396948_nt6981_Genome_Tile|1
GATGTTTCCAAAATCACTGATTATAATTCTCAAAAATTTACAGAATATTTGAGACATGTA
>HPV25_Beta_396948_nt7041_Genome_Tile|1
GAAGAATATGAGTTATCATTAATATTACAACCTTTGCAAAGTACCGTTGAAGGCAGAAATA
>HPV25_Beta_396948_nt7181_Genome_Tile|1
TCAGGATACTTATCGCTACATTGATTCTTTAGCCACACGTTGTCCAGATAAAAATCCTCC
>HPV25_Beta_396948_nt7381_Genome_Tile|1
GTACAAAAACAGTTTCTCCCGAATATCTACTAGGGGAATAAAAAGAAAACGTAAAAATT
>HPV25_Beta_396948_nt7561_Genome_Tile|1
AAATCAGATACAGTCTGTGCCAAACTCAGGCAGCTGCTCGCCAGATGCGTATCGTCTTTA
>HPV19_Beta_396940_nt0181_Genome_Tile|1
ATTTTGCAGCTGCAAACCTTATGGCTAACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGT
>HPV19_Beta_396940_nt0201_Genome_Tile|1
TGGCTAACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATTGTAGAAGAGGGAACCTACTGCAC
>HPV19_Beta_396940_nt0281_Genome_Tile|1
TTACCAGCAACAATTGCTGGATTAGCAGCATTGCTAGAAATACCGTTGGATGACTGTTTA
>HPV19_Beta_396940_nt0321_Genome_Tile|1
TACCGTTGGATGACTGTTTAGTGCTTGTAAATTTCTGTGGCAAGTTTTATCACATTTAG
>HPV19_Beta_396940_nt0341_Genome_Tile|1
GTGCCTTGTAATTTCTGTGGCAAGTTTTATCACATTTAGAAGCGTGCGAATTTGATGAT
>HPV19_Beta_396940_nt1801_Genome_Tile|1
TTATTTTGGTATAAGGGCTGTATGGGATCTGGAGGGTTTACTTATGGTCCATACCCAGAT
>HPV19_Beta_396940_nt3681_Genome_Tile|1
AATCCTCCAGGTCACCTCAGCCACTTCTCCACAACCTCCTTGCGATCAAGAGGGAGCA
>HPV19_Beta_396940_nt3781_Genome_Tile|1
GCGCAGTAGGGGGAGAGGGAAACGATCCAGAGAGTCACCATCCCCACCAACACCAAACG
>HPV19_Beta_396940_nt4121_Genome_Tile|1
CTCATTAGTTTGTCTCCTTTAATCAACGAAAGCACTTTGATGATACAGTAAGGTATCCT
>HPV19_Beta_396940_nt4141_Genome_Tile|1
TAATCAACGAAAGCACTTTGATGATACAGTAAGGTATCCTAAAGGTGTGGACCGATCGTT
>HPV19_Beta_396940_nt4481_Genome_Tile|1
CAACTGGTTACGTGCCTTTGGGGGAGGGTCCAGTACGTGTTGGTGGTACTGCAACGGTGA
>HPV19_Beta_396940_nt4681_Genome_Tile|1
GAAACCATTGCAGAGGTGCACCCTACACCTAGTATACCCTCAACAGATACCCAGTGACC

>HPV19_Beta_396940_nt5041_Genome_Tile|1
CTTAGAACTGCATTTAGGCGAAGGGGAGGATTAACAAATAGGCGTTTAGTACAACAAGTA
>HPV19_Beta_396940_nt5081_Genome_Tile|1
GGCGTTTAGTACAACAAGTAGCTGTAGATGATCCCATATTCTTAAGTCAAGCTTCAAGGT
>HPV19_Beta_396940_nt5101_Genome_Tile|1
GCTGTAGATGATCCCATATTCTTAAGTCAAGCTTCAAGGTAGTTTCTTTTCAGTTTGAT
>HPV19_Beta_396940_nt5201_Genome_Tile|1
AAGATTTAGATAATTTTCGGGAGCCACCTAATAGGGATTTTTTGGATGTGCAAACCTTAG
>HPV19_Beta_396940_nt5261_Genome_Tile|1
GTAGGCCACAATATTCAGAAACACCATCTGGTTACATCAGAGTTAGTCGCCTAGGCCAAA
>HPV19_Beta_396940_nt5441_Genome_Tile|1
GTGACGCTTCAATAGTTCAAGGTAATACAGAAAGCACATTTATAAATATTAATATTGATG
>HPV19_Beta_396940_nt5521_Genome_Tile|1
TATAGTATTACTGCTAACTCAGAAGATTTGCTTTTAGATGAAGCACAGGAAGACTTTAGT
>HPV19_Beta_396940_nt5561_Genome_Tile|1
AAGCACAGGAAGACTTTAGTGGGTACAGTTAGTAGTTGGTGGGCGCCGTTCTACTTCCA
>HPV19_Beta_396940_nt5581_Genome_Tile|1
GGGTCACAGTTAGTAGTTGGTGGGCGCCGTTCTACTTCCACATATACAGTTCCCAATTT
>HPV19_Beta_396940_nt5601_Genome_Tile|1
TGGGCGCCGTTCTACTTCCACATATACAGTTCCCAATTTGAAACTACAAGGTCTGGATC
>HPV19_Beta_396940_nt5801_Genome_Tile|1
ATCCCAGCCTTCGCAAGCGATTCAAACGAAAACGTAAATATTTATAATTTTCTTTTGCAG
>HPV19_Beta_396940_nt6001_Genome_Tile|1
TCACCCATATTTTAATGTTTATAATGTTGCAGGATCAAAATTAGAAATTCAAAAGTTTC
>HPV19_Beta_396940_nt6361_Genome_Tile|1
ACACTGGGATAAAGCATTACCATGTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCCTCC
>HPV19_Beta_396940_nt6381_Genome_Tile|1
CATGTGCTGAGCAAGATATTCCTCAGGGATCCTGTCCTCCTATAGAGTTAATTAAGTCAG
>HPV19_Beta_396940_nt6701_Genome_Tile|1
ATGAAAAATACATACTACATACCTCCTAACAATAGTCAGCAACAATATACTAATTTAGGA
>HPV19_Beta_396940_nt7361_Genome_Tile|1
ACTATATCTTCACGGGTCTCCAGCAGAGGAACAAAAGAAAGCGTAAAAATTAAATTTGT
>HPV19_Beta_396940_nt7541_Genome_Tile|1
ACAGTCTGAGCCGCATCAGGCACAGCAGCTGGCCAGATCTGATCTTCGTTGTTTTAACAC
>HPV19_Beta_396940_nt7621_Genome_Tile|1
CAATGGAATCATAATCTTGCCAATCTCTTTTGGCACTGCACTTGGCAAAGGTAAGGACCG
>HPV17_Beta_396932_nt0201_Genome_Tile|1
TGGATAGGCCAAAACCTCAAACAGTGAGGGAGCTTGCTGATACCTTGTGTATTCCATTAG
>HPV17_Beta_396932_nt0221_Genome_Tile|1
ACAGTGAGGGAGCTTGCTGATACCTTGTGTATTCCATTAGTGGATATTTTATTACCTTGC
>HPV17_Beta_396932_nt0241_Genome_Tile|1
TACCTTGTGTATTCCATTAGTGGATATTTTATTACCTTGCAGATTTTGTAAATAGGTTTTT
>HPV17_Beta_396932_nt0261_Genome_Tile|1
TGGATATTTTATTACCTTGCAGATTTTGTAAATAGGTTTTTAGCTTACATAGAATTGGTGG
>HPV17_Beta_396932_nt0301_Genome_Tile|1
AGCTTACATAGAATTGGTGGCGTTTGATTTAAAAGGTTTGCAGTTAATTTGGACTGAAGA
>HPV17_Beta_396932_nt0421_Genome_Tile|1
TAAGTTTTATGAACAATCAGTGAGTGGAAGGGAGTTAGAGGAAATAGAGCACAAGCCAAT
>HPV17_Beta_396932_nt1621_Genome_Tile|1
TAATGTCGAAAAAGTAGGGAACTGTATCACGATTGCTTATGAATATTCTGCAAGTAGC
>HPV17_Beta_396932_nt1641_Genome_Tile|1
AAACTGTATCACGATTGCTTATGAATATTCTGCAAGTAGCAGAGGTACAAATGTTAGCAG
>HPV17_Beta_396932_nt1801_Genome_Tile|1
AACACAAACTATGATTAATCATCAAACAGCACAGGCAACACAATTCGATCTATCTACCAT
>HPV17_Beta_396932_nt2021_Genome_Tile|1

CGTGGAGAAATGAAGGAAATGAGCATTCTCTACGTGGGTACATAGAAAATTATTAGTTGTT
>HPV17_Beta_396932_nt2101_Genome_Tile|1
TGATATAGTAAAATTTATTAGATATCAGGACATTAATTTTATTAGGTTTTTAGATATATT
>HPV17_Beta_396932_nt2741_Genome_Tile|1
AGAAGATATAGAGACTCAAATAAAACACTGGCAATTATTAAGACAGGAACAAGTACTGTT
>HPV17_Beta_396932_nt2761_Genome_Tile|1
TAAACACTGGCAATTATTAAGACAGGAACAAGTACTGTTTTACTATGCCAGAAAAAATG
>HPV17_Beta_396932_nt3061_Genome_Tile|1
CATATACAGTGTGGTCATTTATTTATTACCAAATTTAGATGACACCTGGAATAAAGTTG
>HPV17_Beta_396932_nt3801_Genome_Tile|1
GAAGCTAACAACTGAAATGCTTTTCGATATAGAGCAAAAAGCGATATGGCAGTTTAGTT
>HPV17_Beta_396932_nt3821_Genome_Tile|1
CTTTCGATATAGAGCAAAAAGCGATATGGCAGTTTAGTTAAATATTACAGCACTACATG
>HPV17_Beta_396932_nt3841_Genome_Tile|1
AGCGATATGGCAGTTTAGTTAAATATTACAGCACTACATGGTCATGGGTGGGTGCAAATA
>HPV17_Beta_396932_nt3861_Genome_Tile|1
AAATATTACAGCACTACATGGTCATGGGTGGGTGCAAATACTAATGACAGAATAGGTAGA
>HPV17_Beta_396932_nt3881_Genome_Tile|1
GTCATGGGTGGGTGCAAATACTAATGACAGAATAGGTAGATCAAGAATGTTACTAGCATT
>HPV17_Beta_396932_nt3901_Genome_Tile|1
CTAATGACAGAATAGGTAGATCAAGAATGTTACTAGCATTTAACACATATGATGAAAGAG
>HPV17_Beta_396932_nt3921_Genome_Tile|1
TCAAGAATGTTACTAGCATTTAACACATATGATGAAAGAGAATTGTTTATCCAAAAAATG
>HPV17_Beta_396932_nt4001_Genome_Tile|1
TTGGTCACTAGGACATCTAGATGATTTATAGGCATTACTTTTTTAACATTACTAACCTTG
>HPV17_Beta_396932_nt4701_Genome_Tile|1
GCTATGGCGGATCATGTTTTAGTGTTCTGAAGGTTTTGGTGGACAAAACATAGGAGGTTCC
>HPV17_Beta_396932_nt4721_Genome_Tile|1
AGTGTTCTGAAGGTTTTGGTGGACAAAACATAGGAGGTTCCAGGAATGCAGCCATTGATAC
>HPV17_Beta_396932_nt4741_Genome_Tile|1
GACAAAACATAGGAGGTTCCAGGAATGCAGCCATTGATACAGCACAGGAGAGCTTTGAAA
>HPV17_Beta_396932_nt4841_Genome_Tile|1
AGGCACACCTCCTAGAACAAGTACTCCAGTTCACGTCAGTAGAATCACTATCAAGCTT
>HPV17_Beta_396932_nt4881_Genome_Tile|1
GTAGAATCACTATCAAGCTTAAGAAGAGCTTTATACAATAGACGATTGACTGAACAAGTT
>HPV17_Beta_396932_nt5121_Genome_Tile|1
ACACCTCAGGGTTATTTACGAGTCAGTAGACTAGGTAGAAGAGCCAGCATTCGTA CTGC
>HPV17_Beta_396932_nt5321_Genome_Tile|1
AGACATTAATATTTGATGAACCAGGGCCTTTGAATGTAGGCATCCAAGAATCACCCTGGC
>HPV17_Beta_396932_nt5341_Genome_Tile|1
CAGGGCCTTTGAATGTAGGCATCCAAGAATCACCCTGGCTGACACTATAGAAGAAGATT
>HPV17_Beta_396932_nt5361_Genome_Tile|1
ATCCAAGAATCACCCTGGCTGACACTATAGAAGAAGATTTCAATTCTGCAGATTTGTTA
>HPV17_Beta_396932_nt5381_Genome_Tile|1
TGACACTATAGAAGAAGATTTCAATTCTGCAGATTTGTTACTGGAAGATGCTGTAGATGA
>HPV17_Beta_396932_nt5461_Genome_Tile|1
TATTTGGCAATCCTCGCCGACGACAAACATCTGTAACGTGCCCCGGTTTGAAACACCTA
>HPV17_Beta_396932_nt5521_Genome_Tile|1
GGGACACTGGCTTTTACATACATGACACTCAGGGATACACAGTAGCATATCCAGAGTCAC
>HPV17_Beta_396932_nt6221_Genome_Tile|1
AGAACATTGGGACAGGGCTCCTGTATGTGAAAATGAACAAACAATCAAACAGGCCTGTG
>HPV17_Beta_396932_nt6241_Genome_Tile|1
CTGTATGTGAAAATGAACAAACAATCAAACAGGCCTGTGTCCACCATTGGAATTAAAAA
>HPV17_Beta_396932_nt7101_Genome_Tile|1
GTAAATCTTACTGAGAAATTATCATTAGATTTAGATCAGTATCCCCTAGGACGAAAATTT

>HPV15_Beta_396924_nt0281_Genome_Tile|1
AGATTTTGTCTCAGAGATTTTAAACATATATAGAATTAGTAAGTTTGAATCGTAAAGGTCTG
>HPV15_Beta_396924_nt0421_Genome_Tile|1
TAACCTTTTATGAACAGTCGGTGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGT
>HPV15_Beta_396924_nt0441_Genome_Tile|1
TGTGTAGTTGGGAAATAGAGATAGTAGAACAGAAGCCTGTTGGAGATATTATTATTCGCT
>HPV15_Beta_396924_nt0461_Genome_Tile|1
ATAGTAGAACAGAAGCCTGTTGGAGATATTATTATTCGCTGCAAATTTTGTCTGAAGAAA
>HPV15_Beta_396924_nt1601_Genome_Tile|1
GGTAAAGTAGAGAAACAGTATTAAGATTACTTACGAATTTGTTACAAGTATCTGAAATA
>HPV15_Beta_396924_nt2101_Genome_Tile|1
AGATATAAAATTTTATACAATTTTATAGATTCATTTAAAGCTTTTACATAATACTCCTAA
>HPV15_Beta_396924_nt2441_Genome_Tile|1
ATGCTAACTTCTAACATTGATATCATGAAAGAAGAAAGGTATAAATATTACGCAGTAGA
>HPV15_Beta_396924_nt3041_Genome_Tile|1
GTTTGGACATACATTTATTACCAGACTTTAGATGACACATGGAACAAGGTGGAAGGAAAA
>HPV15_Beta_396924_nt3081_Genome_Tile|1
GGAACAAGGTGGAAGGAAAAATTGACTATCATGGCGCATATTATTGGAAGGAACCTTA
>HPV15_Beta_396924_nt3901_Genome_Tile|1
ACGCTCACGATTGTTACTGGCATTCTCTCCAACACCGAAAGAGAGCTCTTTATCAAAAT
>HPV15_Beta_396924_nt3921_Genome_Tile|1
CATTCTCTTCCAACACCGAAAGAGAGCTCTTTATCAAAATAATGAAACTGCCACCAGGCG
>HPV15_Beta_396924_nt4001_Genome_Tile|1
TTAGATGATTTATGATTTTTGTGCTTTTTTAATCAACTAACAGTAGTGTTTTTTATTGCT
>HPV15_Beta_396924_nt5441_Genome_Tile|1
TGTTTTGGCAATACACGGCGCAGCACTACAACATATACAGTACCTAGATTTGAATCACCTA
>HPV15_Beta_396924_nt5461_Genome_Tile|1
AGCACTACAACATATACAGTACCTAGATTTGAATCACCTAGAAATACTGGGTTTTACATA
>HPV15_Beta_396924_nt5481_Genome_Tile|1
ACCTAGATTTGAATCACCTAGAAATACTGGGTTTTACATACAAGATGTGCATGGGTATAA
>HPV15_Beta_396924_nt6041_Genome_Tile|1
ATTAGGAGTTGGTACTTCAGGCCATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAA
>HPV15_Beta_396924_nt6061_Genome_Tile|1
GCCATCCTTTATTCAACAAAGTAAAAGATACAGAGAATAACAGTAATTATCAAGGCAACT
>HPV15_Beta_396924_nt6321_Genome_Tile|1
GGTAACATTAATAACAAGGCCTTATCAGTTACTAAGTCAGATGTGAGTCTGGATATAGTG
>HPV15_Beta_396924_nt6561_Genome_Tile|1
GCACAATCAACCCAACAACAAAATAAAGTTAGCAAATTTCTACTTTCTCCACAGTTAGT
>HPV15_Beta_396924_nt6721_Genome_Tile|1
TTATTACTGTTGCAGATAACACAAGGAATACAAATTTTACTATTAGTGTTACCTCTGATG
>HPV15_Beta_396924_nt6741_Genome_Tile|1
ACAAGGAATACAAATTTTACTATTAGTGTTACCTCTGATGGTAATGCCATAAATGAATAT
>HPV14D_Beta_396918_nt0161_Genome_Tile|1
ATATATACTACAGAAAAACAGAGAATGCAGACTCATGGCGACAACCTGACTCTTCAACAG
>HPV14D_Beta_396918_nt0261_Genome_Tile|1
TGATAGCACAGAAACCAAATCTTCTTTTATAGAGCCACCATTACCTGCAACTATATTTGG
>HPV14D_Beta_396918_nt2181_Genome_Tile|1
GTTGGTTGTATATGGACACTTATTTGAGGAATGGCCTTGATGGTCATTATGTTTCTTTAG
>HPV14D_Beta_396918_nt3941_Genome_Tile|1
ACACCCCTAACATACTAACATAATAGCTTGCTACTAACATCTAACATTTATTGCATTTTT
>HPV14D_Beta_396918_nt3961_Genome_Tile|1
TAATAGCTTGCTACTAACATCTAACATTTATTGCATTTTTTGCTTTTTGTTTGCATTATTT
>HPV14D_Beta_396918_nt4741_Genome_Tile|1
CGAAGAACCAACCCCCCTAGAAGAACTAGTACCCATTACAAAGGATACAGACAGCTAT
>HPV14D_Beta_396918_nt4761_Genome_Tile|1

GAAGAACTAGTACCCCATTACAAAGGATACAGACAGCTATAAGAAGGAGGGGTGGGCTTA
>HPV14D_Beta_396918_nt4781_Genome_Tile|1
CAAAGGATACAGACAGCTATAAGAAGGAGGGGTGGGCTTACAAATAGGCGCTTAGTCCAA
>HPV14D_Beta_396918_nt4821_Genome_Tile|1
CAAATAGGCGCTTAGTCCAACAAGTTTCTGTAGAAAACCCCTTATTTTAAACAAGACCAT
>HPV14D_Beta_396918_nt4841_Genome_Tile|1
CAAGTTTCTGTAGAAAACCCCTTATTTTAAACAAGACCATCTAGACTAGTGCAATTTTCAG
>HPV14D_Beta_396918_nt5361_Genome_Tile|1
CATATACCGTCCCTCGTTTTGAAACAACCAGATCTGGGTCATATTATGCACAGGATACAA
>HPV14D_Beta_396918_nt5981_Genome_Tile|1
GTTGGTGATACAGAAAATCCCAACTCATACAGGCAACAAGCTAACTCCACTGATGACAGA
>HPV14D_Beta_396918_nt7101_Genome_Tile|1
CAAAAACAGTTTCGACTAGGGGATCCATCAAGGGTATTAAACGAAAACGCAAGAATTAGA
>HPV14D_Beta_396918_nt7301_Genome_Tile|1
GCCAACTCAGGTTTGC GCCAGATCAGATACAGCGCGAGCCGCGTTGGATCAAGCTACATC
>HPV14D_Beta_396918_nt7321_Genome_Tile|1
GATCAGATACAGCGCGAGCCGCGTTGGATCAAGCTACATCGTCTGAACACGCAAAAGACT
>HPV14D_Beta_396918_nt7361_Genome_Tile|1
GTCTGAACACGCAAAAGACTCAAGGAAATGTAAGTGTGCCAGTCTATTGTGTTTCAATTT
>HPV12_Beta_396910_nt0281_Genome_Tile|1
TTAGATATACCTTTAGTTGACTGTTTGGTACCTTGCAATTTTTCGGGAAAGTTCTTAGAT
>HPV12_Beta_396910_nt0501_Genome_Tile|1
CTGGAATACTATATTTGACTTAAAGATAAGGTGTCAGACGTGCTTGTTCATTTTTAGATA
>HPV12_Beta_396910_nt1901_Genome_Tile|1
CCATGGTCCAATGGGCCTTCGATAATAATTACTTAGAAGAACCAGATATAGCTTATCAAT
>HPV12_Beta_396910_nt2441_Genome_Tile|1
GCTTAGACGGCCATTTTGTCTTTAGATTGTAAATATAAAGCGCCCGTACAAATTAAGT
>HPV12_Beta_396910_nt4221_Genome_Tile|1
CTACTAACCACACTAACAATTTTTTTTACATTTATTTTACGTTTTTATTATTGCTATGGC
>HPV12_Beta_396910_nt4441_Genome_Tile|1
GGTATTGGTACCGGTCGCGGTACTGGAGGTGTCACTGGATACAGACCTCTACCTGAAGGG
>HPV12_Beta_396910_nt4461_Genome_Tile|1
TACTGGAGGTGTCACTGGATACAGACCTCTACCTGAAGGGCCCGGTATCCGTGTTGGAGG
>HPV12_Beta_396910_nt4601_Genome_Tile|1
CTGTGGAGCCCCTGCTTCCTCGGTAGTTCCATTAAGTGAATCCTCAGCAACTGATCTAC
>HPV12_Beta_396910_nt4681_Genome_Tile|1
ATAGCTGAGATTAATCCTGTTTCAGAGGGCCCTACGATTGATTCACCTGTTGTGACAACA
>HPV12_Beta_396910_nt5021_Genome_Tile|1
CTCCACTTCAGAGGACACAAACCACTGGCCGACGTAGAGGAGTGTCCTAACAAATAGAA
>HPV12_Beta_396910_nt5061_Genome_Tile|1
AGTGTCCCTAACAAATAGAAGGCTAGTACAACAAGTGCAAGTTGATAATCCTTTATTTAT
>HPV12_Beta_396910_nt5081_Genome_Tile|1
GGCTAGTACAACAAGTGCAAGTTGATAATCCTTTATTTATAGATAAACCTTCTAAGTTAG
>HPV12_Beta_396910_nt5101_Genome_Tile|1
GTTGATAATCCTTTATTTATAGATAAACCTTCTAAGTTAGTACGCTTTTCATTTGATAAC
>HPV12_Beta_396910_nt5201_Genome_Tile|1
ACTTAGAAACATTTGAGGAGCCACCTGATAGGGATTTCCTTGATATTAAGCTAAGTC
>HPV12_Beta_396910_nt5441_Genome_Tile|1
ATGCAACCATAGTGCAAGGCACTGTTGAAAGTACATTTGTAGATATGGACATAGCGGAAG
>HPV12_Beta_396910_nt5601_Genome_Tile|1
CAGCACAACATCATACACTGTGCCCCGTTTTGAAACTACAAGGAGCAGTTCTTATTATGT
>HPV12_Beta_396910_nt6341_Genome_Tile|1
AGAACACTGGGAGAAAGCCTTACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTTTGCCC
>HPV12_Beta_396910_nt6361_Genome_Tile|1
TACCCTGCGGGGATGCACCAGCTGAAAATGGTGTTTGCCCTCCCATAGAGTTAAAGAACA

>HPV12_Beta_396910_nt6461_Genome_Tile|1
CAACATGAATTTTAAAACATTGCAACAAAACAGATCTGATGTCAGCCTTGACATAGTGAA
>HPV12_Beta_396910_nt6901_Genome_Tile|1
ATTTTCAGTATATCTATTTACAGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATT
>HPV12_Beta_396910_nt6921_Genome_Tile|1
AGTGATAATCAAAATGTACACGACATTCCAAATTATGATTCTCAAAAATTTAGAGAATAT
>HPV12_Beta_396910_nt7101_Genome_Tile|1
TTAGGCTTCGTGCCAACTCCTGACAATCCTATTCATGACACATACAGATATATCGAATCT
>HPV12_Beta_396910_nt7201_Genome_Tile|1
AGCCGGACCCCTTATGATGGCTTAAGTTTTTGGACTGTAGATATGACTGAGAGACTTTCTT
>HPV12_Beta_396910_nt7261_Genome_Tile|1
TAGACCTGGATCAGTATTCCTTAGGGCGCAAGTTCTTATTCCAGGCTGGCCTCCAACAAA
>HPV12_Beta_396910_nt7321_Genome_Tile|1
CGACCGTTAACGGTACAACAAAATCATCAAGCTATAGAAGTTCCATAAGGGGGACCAAAA
>HPV12_Beta_396910_nt7381_Genome_Tile|1
GAAAACGCAAAACTAAATGTACCGAATTTGGTACAATTACCTCAACTTTTGCACAGTAT
>HPV12_Beta_396910_nt7581_Genome_Tile|1
TAGGTCGACCGCCAAAGGACCTTTGGTTTGCCAAATAGCTTACAGCAGCTCAGTTCTGGC
>HPV12_Beta_396910_nt7601_Genome_Tile|1
CTTTGGTTTGCCAAATAGCTTACAGCAGCTCAGTTCTGGCACATTTGTGGACCGATAACG
>HPV65_Gamma_312100_nt0021_Genome_Tile|1
ACAACCATCATCTAAAGTAATATATAACCGGAAGAGATACATATAAAAAGACACATTGTA
>HPV65_Gamma_312100_nt0241_Genome_Tile|1
TTAGTTTATGTTTTTCAGGGGGGGTTGCTACTATGCATGCTGTTCTGAATGCTTACGTTTAA
>HPV65_Gamma_312100_nt0321_Genome_Tile|1
AATTATTTTTCAGTGTTCTATAAAAGCTGTTAATTTGGAAGAAGTAGCTCAAAGGAAAATT
>HPV65_Gamma_312100_nt0341_Genome_Tile|1
AAAAGCTGTTAATTTGGAAGAAGTAGCTCAAAGGAAAATTAAGGAGATTGCATCAGATG
>HPV65_Gamma_312100_nt0381_Genome_Tile|1
AAGGAGATTGCATCAGATGTATATGTTGTTTGAGACTACTAGACATTGTTGAGAAATTA
>HPV65_Gamma_312100_nt0401_Genome_Tile|1
TATATGTTGTTTGAGACTACTAGACATTGTTGAGAAATTAGACTTGCTGTACTCTGACCA
>HPV65_Gamma_312100_nt0701_Genome_Tile|1
AGGATTACTCTGTTTGCTGTGGAATTTGGACTTCGAGCGTTGGAACAACATCAGTGGAC
>HPV65_Gamma_312100_nt1381_Genome_Tile|1
TCTTTTCGAGCTGCTGTTGAAGTTTTTGAAAGCTCTAAAATTGTTTTGCAACAGCACTGTA
>HPV65_Gamma_312100_nt1401_Genome_Tile|1
GTTTTTGGAAGCTCTAAAATTGTTTTGCAACAGCACTGTACATATATTCAAGTTAAAATA
>HPV65_Gamma_312100_nt1541_Genome_Tile|1
GTTGAATATTCAAGAGTTTCAAATATTGACTGACCCTCCTAAGTTACGAAGTGTGCCTAC
>HPV65_Gamma_312100_nt1561_Genome_Tile|1
AAATATTGACTGACCCTCCTAAGTTACGAAGTGTGCCTACAGCTTTATACTTCTATAAGC
>HPV65_Gamma_312100_nt2101_Genome_Tile|1
GAAAATCTCTGTTTTGTTATTCTCTAGTGAAATTTCTTAAAGGTAAAGTAGTATCCTATG
>HPV65_Gamma_312100_nt2121_Genome_Tile|1
TCTCTAGTGAAATTTCTTAAAGGTAAAGTAGTATCCTATGTGAATCGAAGTAGCCACTTC
>HPV65_Gamma_312100_nt2801_Genome_Tile|1
CTTATGGATCAGAGCGTTGGACTCTGCCAGAAGTTAGTGCAGAACTGATTAATACTGCTC
>HPV65_Gamma_312100_nt3541_Genome_Tile|1
TCGTTGAAATGTTGGAGATATAGGAAACAAAATTCCAGTAACTGTGGGTTTCTCTTTATG
>HPV65_Gamma_312100_nt3561_Genome_Tile|1
TAGGAAACAAAATTCCAGTAACTGTGGGTTTCTCTTTATGAGCACTGTTTGGAACTGGGT
>HPV65_Gamma_312100_nt3621_Genome_Tile|1
TGGTGATGTGTCAGAAAATCACAGTCGCATGTTAATTGCTTTTAAAAAGTCCTGGTCAGAG
>HPV65_Gamma_312100_nt3641_Genome_Tile|1

ACAGTCGCATGTTAATTGCTTTTAAAAAGTCCTGGTCAGAGAGACTCATTTGTTAAACACA
>HPV65_Gamma_312100_nt3661_Genome_Tile|1
TTTTAAAGTCCTGGTCAGAGAGACTCATTTGTTAAACACAATCTATTCCCAAACCTCTGT
>HPV65_Gamma_312100_nt3701_Genome_Tile|1
ATCTATTCCCAAACCTCTGTACATATACCTATGGTTCTTTAAATAGCTTATAAAATGCAA
>HPV65_Gamma_312100_nt3741_Genome_Tile|1
AAATAGCTTATAAAATGCAAGCCTCACGCAGAACAAAAAGAGACTCAATACCAAACCTCT
>HPV65_Gamma_312100_nt3761_Genome_Tile|1
GCCTCACGCAGAACAAAAAGAGACTCAATACCAAACCTCTATGCAAAATGTCAATTATCT
>HPV65_Gamma_312100_nt3921_Genome_Tile|1
GAATTGGGACGGGAAGAGGCAGTGGAGGGTCTTCTGGTTATAATCCACTGGGAGCCCCTA
>HPV65_Gamma_312100_nt4041_Genome_Tile|1
CTAGTGAAATCATCCCTGTAGATGTTGTAAACCCCTGGCAGTTCTTCTGTGGTTCCTTTAG
>HPV65_Gamma_312100_nt4061_Genome_Tile|1
GATGTTGTAAACCCTGGCAGTTCCTTCTGTGGTTCCTTTAGAGGATTTAACAGTTCCAGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt4101_Genome_Tile|1
AGGATTTAACAGTTCCAGAAGTCACCATAGATAGCGGGGAGGTGGGAGGAGGTGGTCTTC
>HPV65_Gamma_312100_nt4141_Genome_Tile|1
GGTGGGAGGAGGTGGTCTTCATCCTTCTGAGATAGATGTTGTCACTTCCTCAGACCCTAT
>HPV65_Gamma_312100_nt4161_Genome_Tile|1
ATCCTTCTGAGATAGATGTTGTCACTTCCTCAGACCCTATTTAGATGTCACTGGTACAA
>HPV65_Gamma_312100_nt4261_Genome_Tile|1
TGCAGTCCTAGATGTTTCTCCAACAGAGCCCCCTACCAAACGCATAGCTTTAGGAACTAG
>HPV65_Gamma_312100_nt4301_Genome_Tile|1
CGCATAGCTTTAGGAACTAGGGGCGCAACATCAACACCACATATAAGTGTAATATCAGGC
>HPV65_Gamma_312100_nt4501_Genome_Tile|1
AACTAGCACACCACGTGAGACTATTGGACGTGCTTTGGAAAGAGCGCGAGATCTTTATAA
>HPV65_Gamma_312100_nt4541_Genome_Tile|1
AGAGCGCGAGATCTTTATAACAGAAGAGTGCAGCAGATAGCCACTAGAAATCCAGCAATG
>HPV65_Gamma_312100_nt5121_Genome_Tile|1
TTTATGTTGATGATGTAGGCTCCGATTTATTTGTATCTTACCCAGAAACAAGAGTTATAC
>HPV65_Gamma_312100_nt5141_Genome_Tile|1
TCCGATTTATTTGTATCTTACCCAGAAACAAGAGTTATACCTGCGGGAGGCTTACCTACT
>HPV65_Gamma_312100_nt5161_Genome_Tile|1
CCCAGAAACAAGAGTTATACCTGCGGGAGGCTTACCTACTGAGCCTTTTACCCCGTTAGA
>HPV65_Gamma_312100_nt5181_Genome_Tile|1
CTGCGGGAGGCTTACCTACTGAGCCTTTTACCCCGTTAGAGCCTCCATTTTTTTTCAGAGT
>HPV65_Gamma_312100_nt5201_Genome_Tile|1
GAGCCTTTTACCCCGTTAGAGCCTCCATTTTTTTTCAGAGTTTACAGTTCTGACTTTGTA
>HPV65_Gamma_312100_nt5221_Genome_Tile|1
GCCTCCATTTTTTTTCAGAGTTTTACAGTTCTGACTTTGTATATCGTCCTAGTTTGTATCG
>HPV65_Gamma_312100_nt6861_Genome_Tile|1
GTCTATTAAACAGTAGATTAATCCTTATAAGAATGCATTTGTTCTGCCAATAGAACTTA
>HPV65_Gamma_312100_nt6881_Genome_Tile|1
ATCCTTATAAGAATGCATTTGTTCTGCCAATAGAACTTAACTGAGCCAATTATTATAT
>HPV65_Gamma_312100_nt6921_Genome_Tile|1
AACTGAGCCAATTATTATATAATCTTTGGAAACGTGTATGTATTTGCTTTTTCTGTGAGA
>HPV65_Gamma_312100_nt6941_Genome_Tile|1
AATCTTTGGAAACGTGTATGTATTTGCTTTTTCTGTGAGAACTTGAGTAAAATAAACTG
>HPV65_Gamma_312100_nt7081_Genome_Tile|1
TCCACATCCGTTCGGATGCGCGCCAAAAGAGGAACGTCCCCTTCTATTTTTCTAAAAAATT
>HPV65_Gamma_312100_nt7121_Genome_Tile|1
TTCTATTTTTTCTAAAAAATTACCGTTTCTGCAGCTGCAAAATTGTGTAAGACCGTTATCG
>HPV65_Gamma_312100_nt7141_Genome_Tile|1
ACCGTTTCTGCAGCTGCAAAATTGTGTAAGACCGTTATCGTTCCCTGTAAACCTTGGCACA

>HPV57_Alpha_60882_nt1821_Genome_Tile|1
ACACTGATAGGACACAGTATGGAGGATGAGCAGTTCAAATTATCTGTTATGGTGCAGTAC
>HPV57_Alpha_60882_nt1901_Genome_Tile|1
GGACGAGAGCGCACTGGCATTGTGAGTACGCACAGCTGGCGGACGTGGACGCCAATGCGGC
>HPV57_Alpha_60882_nt2361_Genome_Tile|1
GCGACGGCCAGTGCTGGACGTATATTGATACATATCTTAGGAACCTACTAGATGGCAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt2381_Genome_Tile|1
GTATATTGATACATATCTTAGGAACCTACTAGATGGCAATCCCTTCAGCATAGACAGGAA
>HPV57_Alpha_60882_nt3741_Genome_Tile|1
CAAAAGTCAGGAACAGCGTGCAGAAATTCCTTACAAGGGTCCATCTACCCAAAGGGGTGAA
>HPV57_Alpha_60882_nt4081_Genome_Tile|1
GTGACCAACTGCTGCTACCCTGTATATACCTCCCCCTGTATACTGCAATGTATCCTGCT
>HPV57_Alpha_60882_nt4101_Genome_Tile|1
TGTATATACCTCCCCCTGTATACTGCAATGTATCCTGCTGTGTACAAGGGCACGGGCGG
>HPV57_Alpha_60882_nt4161_Genome_Tile|1
GTCGTATCCCATTTGCTCCTGTGGGGCCCTGATGATGTGGATTGCTTGTGATTATTCTTTT
>HPV57_Alpha_60882_nt4181_Genome_Tile|1
GGGGCCCTGATGATGTGGATTGCTTGTGATTATTCTTTTGTGATTGCCATTTTGTGTT
>HPV57_Alpha_60882_nt4201_Genome_Tile|1
TGCTTGTGATTATTCTTTTGTGATTGCCATTTTGTGTTGATTGCTGTACGTCCGTCTG
>HPV57_Alpha_60882_nt4221_Genome_Tile|1
GTTGATTGCCATTTTGTGTTGATTGCTGTACGTCCGTCTGCTGCAGTAGTGTACATACTC
>HPV57_Alpha_60882_nt4241_Genome_Tile|1
TGATGCTGTACGTCCGTCTGCTGCAGTAGTGTACATACTCATTGTGTTTTTGCTACATAC
>HPV57_Alpha_60882_nt4281_Genome_Tile|1
ATTGTGTTTTTGCTACATACTCATTTTGATACATTTTATCGGTGTGCACCTGATTGCCT
>HPV57_Alpha_60882_nt4301_Genome_Tile|1
TCATTTTGATACATTTTATCGGTGTGCACCTGATTGCCTTTGTATTGCTACGTGTCAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt4441_Genome_Tile|1
TGGAACGTGCCCCCTGATATCATACTAGGGTGAACAGGACACATTAGCTGATAGGAT
>HPV57_Alpha_60882_nt4461_Genome_Tile|1
TCATACCTAGGGTGAACAGGACACATTAGCTGATAGGATACTCAAATGGGGCAGCCTGG
>HPV57_Alpha_60882_nt4601_Genome_Tile|1
CCAACAACCTGTCGTTGATGTAGGACTGGCGCCAAGGCCACCTGTAGTAATAGAACCTGTG
>HPV57_Alpha_60882_nt4761_Genome_Tile|1
TTACCACCTCAACGGTGACTGACCCTGCAGTCCTGGACATCACTCCTTCGGGTAATGGGG
>HPV57_Alpha_60882_nt5421_Genome_Tile|1
TATATGCCGAGTCGGATTTCTTGCAACCCTTAGATTTCGGATGTCCCCGCGGCCCTCGAG
>HPV57_Alpha_60882_nt5441_Genome_Tile|1
TTGCAACCCTTAGATTTCGGATGTCCCCGCGGCCCTCGAGGTACCCTTCCCTGGCAGAC
>HPV57_Alpha_60882_nt5601_Genome_Tile|1
ACCCGTCTGTAGGCCCTGGTATGGGACCGCTGGTGCCTGTGATACCAGCCATACCATCCT
>HPV57_Alpha_60882_nt6561_Genome_Tile|1
GAGCTATATGTCAAGAGTTCTACCGTCCAGACCCCGGTAGTTATGTTTATACCTCCACT
>HPV57_Alpha_60882_nt6761_Genome_Tile|1
TGTCTCTTTGTGTGCCACTGTAACCACAGAACTAATTATAAAGCCTCCAATTATAAGGA
>HPV57_Alpha_60882_nt6981_Genome_Tile|1
GACACCTACAGGTATTTGCAATCCCAAGCGATAACATGTCAGAAGCCCACACCCCTAAG
>HPV57_Alpha_60882_nt7181_Genome_Tile|1
CGCCGCTGCAACTGCAGCGGCGCCACTGCTAAACGCAAAAAGGTCAGGCGATAGTGATT
>HPV57_Alpha_60882_nt7421_Genome_Tile|1
GTTGCACTCTGTAATTGTCCCCGCTGCATGGTTTGCACACTGTGGCCTGTATGTAGCCCC
>HPV57_Alpha_60882_nt7541_Genome_Tile|1
TCATATCCTTTAATCCTTTAATTGCTTTAATCCTTTCACTTTTTTACTGTGCCAACTAAA
>HPV57_Alpha_60882_nt7561_Genome_Tile|1

ATTGCTTTAATCCTTTTCACTTTTTTACTGTGCCAACTAAAATGATTTTGCTTTTTGATTG
>HPV57_Alpha_60882_nt7601_Genome_Tile|1
ATGATTTTGCTTTTTGATTGTTTTGTGTCTGCATTAATGCAGTTTTTCTTTTCCAGTGC
>HPV94_Alpha_40804528_nt3881_Genome_Tile|1
AATTTTGGGTATATGTCAATCTTCTAATTGTCTGTATTGTGACAGTGTATTATCCTGGA
>HPV94_Alpha_40804528_nt3901_Genome_Tile|1
TCTTCTAATTGTCTGTATTGTGACAGTGTATTATCCTGGATTTTTATTTGTGTAGACTAC
>HPV94_Alpha_40804528_nt4061_Genome_Tile|1
CCTGGTAGCATTGTATTTTCAAATTGTGTCACGTATACTTCAAAACACATAGGTCTCACA
>HPV94_Alpha_40804528_nt4181_Genome_Tile|1
GGAGATGTGTATTTACTGCTGTGTATAATATTGTTTGTACTTATGGCATTGTTTGTTTTA
>HPV94_Alpha_40804528_nt4201_Genome_Tile|1
GTGTATAATATTGTTTGTACTTATGGCATTGTTTGTTTTATATAGACACCTGGGTGTATT
>HPV94_Alpha_40804528_nt4221_Genome_Tile|1
TTATGGCATTGTTTGTTTTATATAGACACCTGGGTGTATTGTGATATGGATGTAGACGCC
>HPV94_Alpha_40804528_nt4241_Genome_Tile|1
TATAGACACCTGGGTGTATTGTGATATGGATGTAGACGCCTGTGCATAATCTAATGTTTT
>HPV94_Alpha_40804528_nt4261_Genome_Tile|1
GTGATATGGATGTAGACGCCTGTGCATAATCTAATGTTTTGTGTGTACCCTTATGTG
>HPV94_Alpha_40804528_nt4301_Genome_Tile|1
GCTGTGTGTACCCTTATGTGCTATTGTAGCACCTTGTTTTTTTATTCTTTTGTTTTTT
>HPV94_Alpha_40804528_nt5461_Genome_Tile|1
ATGTTGCCTTTACAAATGGCACTCGAAGTGTCACACCGGCACGGAGCTATAGTACTGCTT
>HPV94_Alpha_40804528_nt5481_Genome_Tile|1
ACTCGAAGTGTCACACCGGCACGGAGCTATAGTACTGCTTCCCCTTGTCCCTCTACACTT
>HPV94_Alpha_40804528_nt6541_Genome_Tile|1
GCAAGACATTTTTTCAATAGAGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCTTGACACTCTAATA
>HPV94_Alpha_40804528_nt6561_Genome_Tile|1
AGCCAGTGCAGTGGGAGACACCATTCTTGACACTCTAATATTGAAGTCGCCGGTGGTGA
>HPV94_Alpha_40804528_nt7281_Genome_Tile|1
GAAATGACCCCATGTTTGTGTTTTTATGTATGTGCATATTTGTGTATGTTGTTTGTCTGG
>HPV94_Alpha_40804528_nt7321_Genome_Tile|1
TGTGTATGTTGTTTGTCTGGTAATTGGTGTATGTTATGTGTACGCTTGTATGTATTTACT
>HPV94_Alpha_40804528_nt7341_Genome_Tile|1
TAATTGGTGTATGTTATGTGTACGCTTGTATGTATTTACTGTGTATGTATTGTACTGGAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt7361_Genome_Tile|1
TACGCTTGTATGTATTTACTGTGTATGTATTGTACTGGAATGCATGTGTGGATGTGTAAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt7821_Genome_Tile|1
GCTTTCTAGCTTTAATTAATGCAGTTGCTACACGTCTCTTTCCAACATAAATTATAAACT
>HPV95_Gamma_40804520_nt0001_Genome_Tile|1
AACATTGTTTTCTTAATAATAGTTGGCAACAATCATCTCTTATAATAAAAATATCACCGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt0221_Genome_Tile|1
AGAGCTTGCTTCGTTTTATATTAAGAAATTAAGTTTGGTTTTTAGGGGTAGCTGTTATTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt0341_Genome_Tile|1
GTGTTCTGTATATGCTACTGGACTGGAAGATTTAGTAGGACAAAAATCAGGGATATATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt0361_Genome_Tile|1
GACTGGAAGATTTAGTAGGACAAAAATCAGGGATATATGTGTAAGATGTTTATGCTGTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt0401_Genome_Tile|1
TGTAAGATGTTTATGCTGTCTTAAACTATTAGACATAGTAGAAAACTTGACCTGTTATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt0421_Genome_Tile|1
TTAAACTATTAGACATAGTAGAAAACTTGACCTGTTATACAGTGGTGAGGTGTGCTATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt0541_Genome_Tile|1
AGCACCATCTATTGCAGATGTTGATTTAAACCTCCATGAGTTAGTTGTTCCCTGCAAATTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt0561_Genome_Tile|1
TTGATTTAAACCTCCATGAGTTAGTTGTTCCCTGCAAATTTGCTGAGCGATGAGGTCTTGC

>HPV95_Gamma_40804520_nt0681_Genome_Tile|1
CCTGTTGTTATAATTGTGAAGCAAATGTAAGAATCACTTTGTATGCTGTTGCATTTGGAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt0901_Genome_Tile|1
GCATAGATACTGTGGATGAGTTATTCGACGAAAGTACTGACGGTTCAAATATATCAAATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1241_Genome_Tile|1
TCAAGATGGCGCAGGGGATATTAACCTTTTGTATTGCAGGACAATAACCGAAGGGCAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt1261_Genome_Tile|1
TTAACCTTTTGTATTGCAGGACAATAACCGAAGGGCAACTATGCTTGCCAAATTTAAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt1381_Genome_Tile|1
GTGATAATTGGGTGTTGTTATATTTAAAGCTCCTGTAGAGGTATTGGAAAGTTCTAAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt1401_Genome_Tile|1
ATATTTAAAGCTCCTGTAGAGGTATTGGAAAGTTCTAAGATCGTCCTTCAACAGCATTGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt1421_Genome_Tile|1
GGTATTGGAAAGTTCTAAGATCGTCCTTCAACAGCATTGCCAATACATTCAAGTAAAGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1441_Genome_Tile|1
TCGTCCTTCAACAGCATTGCCAATACATTCAAGTAAAGATATTTGGATTTTCTGCTCTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1461_Genome_Tile|1
CAATACATTCAAGTAAAGATATTTGGATTTCTGCTCTTTATTATTACAATTTAAGAGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1501_Genome_Tile|1
ATTTATTACAATTTAAGAGTTCCAAAAGTAGAGAGACTGTTTATAAGTTATTATGTTTCGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1521_Genome_Tile|1
TCCAAAAGTAGAGAGACTGTTTATAAGTTATTATGTTTCGTTGTTAAATATACAAGAGTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1661_Genome_Tile|1
CTTTGTATATGGACAAACACCGGATTGGATCGCTAAGCAGACAATAGTGAGCCATCAGTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt1701_Genome_Tile|1
ACAATAGTGAGCCATCAGTCTGCTACAACCTGCAGAAACATTTGAGTTGTCAAGAATGGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt2141_Genome_Tile|1
CTCATTGATAAAGTTTTTAAGGGGAAAAGTAGTGTATATGTGAATAGAACTAGTCAATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt2701_Genome_Tile|1
GCACGAAAACAAGGGCTGACTAAATTGGGTCTTCAACCCCTTCCTTCACTTTTAGCAAGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt2741_Genome_Tile|1
TTCCTTCACTTTTAGCAAGTGAATACAATGCAAAACAAGCAATACAGATACAGCTAACAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt2781_Genome_Tile|1
AATACAGATACAGCTAACATTACTATCATTATTAAAGTCGCCCTATGCTTCTGAACCTTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt2801_Genome_Tile|1
TACTATCATTATTAAAGTCGCCCTATGCTTCTGAACCTTGACATTACCAGAAGTCAGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt2821_Genome_Tile|1
CCCTATGCTTCTGAACCTTGACATTACCAGAAGTCAGTGCAGAATTGATTAACACGCCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt2841_Genome_Tile|1
GACATTACCAGAAGTCAGTGCAGAATTGATTAACACGCCCCCTCAGAACGTTTTAAAAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt2861_Genome_Tile|1
CAGAATTGATTAACACGCCCCCTCAGAACGTTTTAAAAAAGGGGGGTATGATGTAACCTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt2941_Genome_Tile|1
AACAATACAATGGTATATACAACTGGACTGCTTTGTATTATCAAGATGCAAATGAAATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt3221_Genome_Tile|1
CCAGCAACACCAAACTACCAAGCAGACGTCCCCTCGGGGAAGGGGATCGCAGTCGAGGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt3561_Genome_Tile|1
ATTGAAATGCTGGAGATATAGAAAATACTTCAAATTCTTGTGGCTTCCTTTATATGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt3641_Genome_Tile|1
GGGATTCCTCAGAAAATCATAGTCGAATGTTAATAGCTTTTACCAGTACAGACCAGAGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt3661_Genome_Tile|1
AGTCGAATGTTAATAGCTTTTACCAGTACAGACCAGAGAGATTACTTTGTAAAGCATCAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt3701_Genome_Tile|1
ATTACTTTGTAAAGCATCACTTCTTCCCCAGACAGTGCACATATACATTTGGTTCTCTGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt3741_Genome_Tile|1

ATATACATTTGGTTCTCTGAACAGCCTGTAAATGAATTCTGCACGGAGAGTAAAGCGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt3761_Genome_Tile|1
ACAGCCTGTAAATGAATTCTGCACGGAGAGTAAAGCGAGACTCAGTCCCTAATCTTTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt3781_Genome_Tile|1
TGCACGGAGAGTAAAGCGAGACTCAGTCCCTAATCTTTATGCAAAATGTCAACTTTTCAGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt3981_Genome_Tile|1
ATCCACTAGCGACCCCAAGTAGAGTTACCCCTAGTGGAACCTCTAGTAAGACCCACAGTTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4041_Genome_Tile|1
CAGTAGAAGGTCTGGGCCCCGGTTGAAATAGTTCCTGTTGATGCAGTAGATCCTGCAGGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4061_Genome_Tile|1
GTTGAAATAGTTCCTGTTGATGCAGTAGATCCTGCAGGCTCCTCCATTGTCCCGCTCACT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4081_Genome_Tile|1
TGCAGTAGATCCTGCAGGCTCCTCCATTGTCCCGCTCACTGATGTGTCTGTTCCCGAGGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4101_Genome_Tile|1
CCTCCATTGTCCCGCTCACTGATGTGTCTGTTCCCGAGGTGGTTGTGGATGGCGAAGGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4121_Genome_Tile|1
GATGTGTCTGTTCCCGAGGTGGTTGTGGATGGCGAAGGTGGGGCAATAGATTTAGGACCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4141_Genome_Tile|1
GGTTGTGGATGGCGAAGGTGGGGCAATAGATTTAGGACCACCCGAAGATACAGGAGTCAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4161_Genome_Tile|1
GGGCAATAGATTTAGGACCACCCGAAGATACAGGAGTCACATCTCGCCCTCCTGAAATAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4241_Genome_Tile|1
TCAGATGTTTCAGGTACCAACAGCCACCCAACAATAATTTTCAGGAGAAGATAACACAATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4281_Genome_Tile|1
CAGGAGAAGATAACACAATAGCTGTGTTAGACATATCTCCAATAGAGCCCCCACAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4301_Genome_Tile|1
GCTGTGTTAGACATATCTCCAATAGAGCCCCCACAACCGTATAGCCTTGGGCACACGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4321_Genome_Tile|1
AATAGAGCCCCCACAACCGTATAGCCTTGGGCACACGTGGCCAGTCATCAACGCCACA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4461_Genome_Tile|1
ATTCTATTGGTTATACAGAGGAAATCCCCTTGCAGGATCTGAACACTATCCAGGAATTTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4561_Genome_Tile|1
AATAGCCCGCGCAATAGGGAGGGCGCGAGAATTATATAATAGAAGAGTGCAACAAATTCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4761_Genome_Tile|1
CTGACATTGTCACAATAGGTCGCCCACAATTTTCAGAAACAGAGAGTGACAAATTCGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4801_Genome_Tile|1
AGAGAGTGGACAAATTCGTGTTAGTAGATTAGGACGCAGGGGCACCATACAGACTAGAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4821_Genome_Tile|1
TTAGTAGATTAGGACGCAGGGGCACCATACAGACTAGAAGTGGTATACAAATTGGTCAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4841_Genome_Tile|1
GGCACCATACAGACTAGAAGTGGTATACAAATTGGTCAAGCAGTACATTTCTATTATGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4861_Genome_Tile|1
TGGTATACAAATTGGTCAAGCAGTACATTTCTATTATGATTTAAGCACCATTGATACAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4881_Genome_Tile|1
CAGTACATTTCTATTATGATTTAAGCACCATTGATACAGCAGATGCAATAGAATTGTCTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4901_Genome_Tile|1
TTAAGCACCATTGATACAGCAGATGCAATAGAATTGTCTACTTTAGGACAACATTCAGGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4921_Genome_Tile|1
AGATGCAATAGAATTGTCTACTTTAGGACAACATTCAGGAGACCAGAGTATCGTAGATGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4941_Genome_Tile|1
CTTTAGGACAACATTCAGGAGACCAGAGTATCGTAGATGCAATGGCAGAAAGTAGCTTGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4961_Genome_Tile|1
GACCAGAGTATCGTAGATGCAATGGCAGAAAGTAGCTTGATAGATCCTTTTCGCTACACCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5021_Genome_Tile|1
GATACCACTGTTGCAGAGGAACAGCAATTATTGGATCCTCAAACCTGAGGATTTTAGTAAT

>HPV95_Gamma_40804520_nt5041_Genome_Tile|1
ACAGCAATTATTGGATCCTCAAAGTGGAGATTTTAGTAATTCTCATTTAGTACTAACTAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5061_Genome_Tile|1
AAACTGAGGATTTTAGTAATTCTCATTTAGTACTAACTACTAGTAACAGAGGTTCAACTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5081_Genome_Tile|1
TCTCATTTAGTACTAACTACTAGTAACAGAGGTTCAACTTTGACTATTCCCTACTATTCCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5101_Genome_Tile|1
TAGTAACAGAGGTTCAACTTTGACTATTCCCTACTATTCCTCCAGGAATTGGTCTACGAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5121_Genome_Tile|1
TGACTATTCCCTACTATTCCTCCAGGAATTGGTCTACGAATTTATGTAGATGATATTGGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5201_Genome_Tile|1
CCAGAATCAAGCTTAATTCCTCCTGGAGGATTACCAACTGAACCATTTTTCCCTCTGAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5241_Genome_Tile|1
AACCATTTTTCCCTCTGAAGCCAGCATTATTAACAGATTTTTTACAGTGATTTCACTTATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5261_Genome_Tile|1
CCAGCATTATTAACAGATTTTTTACAGTGATTTCACTTATTATCCTAGCTTATATCGCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5281_Genome_Tile|1
TTACAGTGATTTCACTTATTATCCTAGCTTATATCGCAAAAACGAAACGATCAGATCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5301_Genome_Tile|1
ATCCTAGCTTATATCGCAAAAACGAAACGATCAGATCTGTTCTGACTTTGTTTTTTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5321_Genome_Tile|1
AAACGAAACGATCAGATCTGTTCTGACTTTGTTTTTTTACAGAAAAATGACGAGTTGGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5541_Genome_Tile|1
ACCTAAGAAAGTTTTAGTTCCAAAGGTATCTGGAAGTCAATATAGAGTCTTTAGGTTTCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5801_Genome_Tile|1
GACAGGATGTCTCATTAGACCCTAAACAGACCCAAATGTTTATAATTGGTTGTATTCCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5841_Genome_Tile|1
CATAATTGGTTGTATTCCAGCTATTGGGGAGCACTGGGATAAAGCTGAGGCATGCAGAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6021_Genome_Tile|1
ATCCAGTGCACCATTAGATGTAGTTGGTACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAAGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6041_Genome_Tile|1
TAGTTGGTACTTTGTGTAAATGGCCTGACTTCTTAAAGATGAGTAAGGACATTTATGGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6081_Genome_Tile|1
GAGTAAGGACATTTATGGTGACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTATGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6101_Genome_Tile|1
ACAGTTTATTCTTCTTTGGCCGAAGGGAACAGCTTTATGCAAGACACTTTTTTGTAGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6161_Genome_Tile|1
CTGGGACAATGGGTGATGCGTTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAATTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6181_Genome_Tile|1
TTACCAGAGCCTTTTGAAGTGAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6201_Genome_Tile|1
GAAGTCTGATTACATAATTGCTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6221_Genome_Tile|1
CTGCTCAGAGTAACCAAGAACAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACCTCTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6241_Genome_Tile|1
CAAAATAATCTTGGCCCTCACATTTATTTTGGAACCTCTAGCGGTTCTCTGTATCAAGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6261_Genome_Tile|1
CATTTATTTTGGAACCTCTAGCGGTTCTCTGTATCAAGTGAATCTCAGCTTTTTTAACCG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6361_Genome_Tile|1
ATTTGTTGGGATAATCAGCTTTTTGTAACTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAATTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6381_Genome_Tile|1
TTTTGTAACTCTGGTTGATAATACCCATAACACTAATTTACTATTTCTGTAAAGCATGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6401_Genome_Tile|1
ATACCCATAACACTAATTTACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6421_Genome_Tile|1

ACTATTTCTGTAAAGCATGAAGGAGAGGATAACAATTATACATATAAAGCAAATGATTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6541_Genome_Tile|1
GTGCTCTTACAGCAGATGTAATGGCTCATTTGAATGTCATGAACCCAAATATATTAGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6641_Genome_Tile|1
TTGAGGATCAATACAGATTCATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAATCCAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6661_Genome_Tile|1
ATTACATCCAGAGCTACTCGTTGTCCAACCTCAAATCCACCAGCAGAAAGAGAAGACCCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6681_Genome_Tile|1
TTGTCCAACCTCAAATCCACCAGCAGAAAGAGAAGACCCTTTTAAAGATTTGTCCTTTTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6721_Genome_Tile|1
TTTAAAGATTTGTCCTTTTGGACAGTTGATCTTTCTGAGCGTTTTTCTTCAGAATTAAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6801_Genome_Tile|1
GTTTCTCTATCAGAGTGGATTAATAAATGGATCTCGTAAAGACAAAGAGCTATTACTTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6901_Genome_Tile|1
CGTTTATCTAAGTAACCATGTAAATACATAATGGAATGTATTATTTCTGCCAGGAAAAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6921_Genome_Tile|1
TAAATACATAATGGAATGTATTATTTCTGCCAGGAAAAAGTGCATATTGAGCCAATTATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6941_Genome_Tile|1
TTATTTCTGCCAGGAAAAAGTGCATATTGAGCCAATTATTATATAACCTATTGAAGGATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6981_Genome_Tile|1
ATATAACCTATTGAAGGATAAAAATTATAAATCTTTTAAATGTGAATGCAATAAACTATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt7001_Genome_Tile|1
AAAATTATAAATCTTTTAAATGTGAATGCAATAAACTATACCTCCAATTACTATTGTGTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt7061_Genome_Tile|1
CATGCTTTGTGACTCATGTGGTCAATATTGTGTCCGCACCCTGATTACTTGGACTGCCTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt7081_Genome_Tile|1
GTCAATATTGTGTCCGCACCCTGATTACTTGGACTGCCTCCACATTAAGTAAGACGCTGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt7101_Genome_Tile|1
CTGATTACTTGGACTGCCTCCACATTAAGTAAGACGCTGGCGAAGAAAAGAGACGCTCCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt7121_Genome_Tile|1
CACATTAAGTAAGACGCTGGCGAAGAAAAGAGACGCTCCTTATTTTTTTTGGAAAAAATA
>HPV95_Gamma_40804520_nt7181_Genome_Tile|1
TTGAATTTGGCATTATTAGGCGGGAACAGGACCGGATTTCGTTTCGCTATTTCAGGAGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt7201_Genome_Tile|1
CGGGAAACAGGACCGGATTTCGTTTCGCTATTTCAGGAGTTAAAGGTAGGTGAAAGTTTTA
>HPV81_Alpha_40804509_nt0101_Genome_Tile|1
TATGGTCAGCACAGCAGTGATGTCGCTGGGGCCAGCAAATCCTACCAATTTGTTTTTGCT
>HPV81_Alpha_40804509_nt0441_Genome_Tile|1
CCGTTAACATACCAAGAAAAGGAGTATCTTGTGACAGGCCTAATCCACTTTCATAAAATA
>HPV81_Alpha_40804509_nt0921_Genome_Tile|1
GGCTGTTGTAGAAAAAACCACAGGGTATCAGGAATCAAGTGATGAAGAGGAAGATAGTGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt0941_Genome_Tile|1
CAGGGTATCAGGAATCAAGTGATGAAGAGGAAGATAGTGCAGATACAGGAGAGGATCTAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt0961_Genome_Tile|1
GATGAAGAGGAAGATAGTGCAGATACAGGAGAGGATCTAGTAGATTTCATAGATACACGA
>HPV81_Alpha_40804509_nt1381_Genome_Tile|1
GTGCATTTACAACAAACCCAGGAAGGTACAGCAAGTATAGTAGAGCTGTTGAAGGCCAGA
>HPV81_Alpha_40804509_nt2301_Genome_Tile|1
GAGTTTAGTGCAATTTCTAGGGGGTGCAGTTATTTCCCTACGTAAATGCATCAAGTCATTT
>HPV81_Alpha_40804509_nt2421_Genome_Tile|1
TTGGGTGTACATAGATACACATTTACGTAGTGTGGTAGATGGTAACTTAATAAGTATGGA
>HPV81_Alpha_40804509_nt2441_Genome_Tile|1
ATTTACGTAGTGTGGTAGATGGTAACTTAATAAGTATGGACAGAAAAACATAGGAATTTAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt2481_Genome_Tile|1
CAGAAAAACATAGGAATTTAGCACAACTAAAATGCCCCCATTACTGATTACAACAACT

>HPV81_Alpha_40804509_nt2501_Genome_Tile|1
CACAACTAAAAATGCCCCCATTACTGATTACAACATAAATCCATTAGAAGACGTTA
>HPV81_Alpha_40804509_nt2521_Genome_Tile|1
TTACTGATTACAACATAAATCCATTAGAAGACGTTACCCTAAAATATTTACATAGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt2541_Genome_Tile|1
AAATCCATTAGAAGACGTTACCCTAAAATATTTACATAGTAGAATGGCAGTGTTTAGCTT
>HPV81_Alpha_40804509_nt3521_Genome_Tile|1
CCCCGACACTGCACCACCGAACATCTGGGTGGACAATAACAAATCAGGGGCCGACGGTTAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt3741_Genome_Tile|1
GAGAGGCAACGCAAAAGTGTGCATTTGTAAACAATATGGTATGCTAATGAAGACCAACGTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt3821_Genome_Tile|1
ACAATACCAAAGGCATACAAGCCATGCAGGGCTTTATGTCTATGTGTTTGTA AAAACAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt3881_Genome_Tile|1
ATTTGTGTATAAATGTGTACTGTAAACATACATATGTATATGGTGAAATGGTATAGTGAAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt3901_Genome_Tile|1
TGTAACATACATATGTATATGGTGAAATGGTATAGTGAACTTATTGTTCTTGCTGTATT
>HPV81_Alpha_40804509_nt4221_Genome_Tile|1
GCTGCTACAGTGTATATAGGTAGTTAGTATGTATCCTGTTATGGTCCGCACCCATACTGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt4261_Genome_Tile|1
ATGGTCCGCACCCATACTGGGGGCACAGATATAGTGGTGTGTTGACATGGATAATAGTGGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt4281_Genome_Tile|1
GGGCACAGATATAGTGGTGTGTTGACATGGATAATAGTGGGTATGGTTTTTGTGTTGTAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt4341_Genome_Tile|1
TATACTTGCCTTAATACTTTTTGTAGTGTATAAACTGTTACAACGTAACTGCACATTGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt4361_Genome_Tile|1
TTGTAGTGTATAAACTGTTACAACGTAACTGCACATTGTTTTGTACTATAATTTTGCTA
>HPV81_Alpha_40804509_nt4421_Genome_Tile|1
CATATTTTTTAATAAATACATTGTATACTCTATTGTATACCATGCCAAAGGTATTGCACC
>HPV81_Alpha_40804509_nt4661_Genome_Tile|1
GCACGGGCTACATCCCTATAGGTGGCCGTCCCCCTTCTGTAGTTGATATAGGTCCTGTGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt4881_Genome_Tile|1
CCTAGATATTACTCCCACAGGTACTACAGTGCAGGTTAGTAGCACTAACTTTTTAAATCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5541_Genome_Tile|1
CCAACATTTAGATGCTGTTTTGCAGTCTGTGCCCTCTTTGTCTTCCAGGTCCTCTGTTTC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5601_Genome_Tile|1
AGGCTCTGCCACTTTATCTGCTACCTCTGTGGCCTCCTCATATAATACCACCGTTCCTTT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5621_Genome_Tile|1
CTACCTCTGTGGCCTCCTCATATAATACCACCGTTCCTTTGTCTTCTGGGTTTACCATCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5681_Genome_Tile|1
CTGCCTCTACTGGGCCTGATGTAGAATTGCCTTATGCTCCTTTAGCCCCCTTCTATAGTCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt5721_Genome_Tile|1
TTTAGCCCCCTTCTATAGTCCCTTCGTTTCTGCAACTACCCCGTACGCCATATATGTTGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5741_Genome_Tile|1
CTTCGTTTCCTGCAACTACCCCGTACGCCATATATGTTGTTGGCACTGATTTTTACTTGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5781_Genome_Tile|1
TGGCACTGATTTTTACTTGTTCCTTCTTATATATTCTTCCCTAAAAAACATAAACGTAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5981_Genome_Tile|1
CTTCTTACTGTAGGGCATCCATATTGTACATTAACCTATTGGTACCCAAGGAAAGCGTTCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6361_Genome_Tile|1
CTGGGCCCCGGGTACCTTTTTGTGCTAATGTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTT
>HPV81_Alpha_40804509_nt6381_Genome_Tile|1
GTGCTAATGTTGCTCCAGCACAAAACGAATGCCCCCCTTGGAGTTTAAAAATACAACCA
>HPV81_Alpha_40804509_nt6661_Genome_Tile|1
CGAGGCCTTACCTGCAGACTTATATATGAAGGTGCTGCAGGCAGTGACAGAATAACCCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt7321_Genome_Tile|1

TGCGTCTGCCAGGACCCCCACTACCTCTGCTAAGCGAAAACGTAAAAAATAGTAGTATGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt7341_Genome_Tile|1
CTACCTCTGCTAAGCGAAAACGTAAAAAATAGTAGTATGCTTGTGCTGTGTGCTTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt7381_Genome_Tile|1
TTGTTTGTGCTGTGTGCTTGTGTGTATGTATTTGCATTGTTTTGTGTTGTTTGTATTATA
>HPV81_Alpha_40804509_nt7601_Genome_Tile|1
GTGTGTGTGTGTTTGTGTTTATGTGTTTGTACGCCCTTGCACACTTTGTATTTCCCTTACCACT
>HPV81_Alpha_40804509_nt7661_Genome_Tile|1
CCTTGCAGTAGTGCCTCCATTTTACATACCTCCATTTTAAACCGAAACGTTGCAGGACCG
>HPV81_Alpha_40804509_nt7961_Genome_Tile|1
ATTGCTGGTTTGGCTTTTTTACATGTTTTACACGCCAACAATATGTCATGTAAACTTAGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt7981_Genome_Tile|1
ACATGTTTTACACGCCAACAATATGTCATGTAAACTTAGGCAAGCTTTGTGCAAACCTGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt0281_Genome_Tile|1
GTTTGTGCTGCATGCTTGGCCTGTCTACAGTTTCATGGAAAAATAAGTCAATATAGGCACTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt0361_Genome_Tile|1
ATACTGTAGAAGAAGAACTAAGCAAACAGTGTTTGATTTGTGCATTAGATGCTGTAAGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt0441_Genome_Tile|1
GTGGAAAAAGTACAGCATATTGTGCAAAAGGCACAATTCTTTAAAATACATAGCGTGTGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt0461_Genome_Tile|1
TGTGCAAAAGGCACAATTCTTTAAAATACATAGCGTGTGGAAAGGATACTGCCTACATTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt1001_Genome_Tile|1
CATTAGAAGACAGTTGTACAGACCACAGCAGTGCAGGCTCTGTAAATGCACAACAAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt2201_Genome_Tile|1
ATCAACATATAGACATTATAGCATTTCTAGGTGCTTTAAAAAATGGTTACATGGTATAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt2921_Genome_Tile|1
CCACAGCTAGAAGTATCAAGACAAAAGCATATTTGGCTATTGAATTACAAATGTCATTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt3201_Genome_Tile|1
ACTATGAAGGCCTATCATACACAGTATGTGGGCAAAAGCACTATTATGTAGAATTTCTATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt3761_Genome_Tile|1
TTAACATATATTAGTGAACAACAGAGGGCTGACTTTTTGTCTCGTGTTAAAATACCTATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt3801_Genome_Tile|1
CTCGTGTTAAAATACCTATAACTATTAAACAGTGCCTGGGAGCATTAACAATGATGTAAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt3961_Genome_Tile|1
ATTGTTTATAGATGACAAGCTTGGCATATTAACTTAACATTTTTATTTGCATTCTTGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt4081_Genome_Tile|1
TTCTATCTTTTATTTTTTGTCTTGGGGCGTCCTTACATCACCTATTAACGTTTTTATATT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4101_Genome_Tile|1
CTTGGGGCGTCCTTACATCACCTATTAACGTTTTTATATTGGCGTTGTTAGTGTGGTATT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4121_Genome_Tile|1
CCTATTAACGTTTTTATATTGGCGTTGTTAGTGTGGTATTTGCCAGCCCTTTTATTGCAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4181_Genome_Tile|1
TGGTATATTATATCTGCTATTGCATAACAGTAAATATGTTAACCTGTACATTTGAAGATG
>HPV43_Alpha_40804474_nt4261_Genome_Tile|1
TGGTACTTGTAACAGTTATAACTGTATTAAATATTGGTGTAGCGTTTCATTACAGAACA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4281_Genome_Tile|1
AACTGTATTAATATTGGTGTTAGCGTTTCATTACAGAACCTTAAGTTGCATCAGTCCTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt4301_Genome_Tile|1
TAGCGTTTCATTACAGAACACTTAAGTTGCATCAGTCCTCCAGCAAATAACAATCCTTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4701_Genome_Tile|1
CTATTGTGTCCTTAATTGAGGAATCAAGCATAATTCAGTCCGGGCTCCTATTACCAATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4781_Genome_Tile|1
GAGGTAACCTCCTCTGGATCAGAGGTTCTTGCAATTTTAGATGTTCCCCATCTACTTCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4801_Genome_Tile|1
AGAGGTTCTGCAATTTTAGATGTTTCCCCATCTACTTCAGTGCATATTACTACATCTAC

>HPV43_Alpha_40804474_nt4821_Genome_Tile|1
ATGTTTCCCCATCTACTTCAGTGCATATTACTACATCTACACATTTAAATCCTGCATTTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4921_Genome_Tile|1
TGGGGGACGTATTATAATATCTCACTCCACTGTTACTGCTGATAGTGCTGAACAAATTCC
>HPV43_Alpha_40804474_nt4941_Genome_Tile|1
CTCACTCCACTGTTACTGCTGATAGTGCTGAACAAATTCCTATGGATACGTTTGTATAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt4981_Genome_Tile|1
TATGGATACGTTTGTATACACAGCGATCCTACCACTAGCACACCTATTCCAGGCACTGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5361_Genome_Tile|1
GTTCCATACCCACAGAGGAATCAATAGAAATTGCAGCCCCTAGGACGTTCCCAGTCCTTTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5381_Genome_Tile|1
TCAATAGAAATTGCAGCCCCTAGGACGTTCCAGTCCTTTCCTACTGTTTCTGATACTAGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5401_Genome_Tile|1
AGGACGTTCCCAGTCCTTTCCTACTGTTTCTGATACTAGTGATTTATATGATATATATGC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5441_Genome_Tile|1
GATTTATATGATATATATGCAGATGAGAATCTGTTAAATAATGATATTAGTTTTACTGAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5461_Genome_Tile|1
AGATGAGAATCTGTTAAATAATGATATTAGTTTTACTGACACACACGTGTCCCTACAGAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5481_Genome_Tile|1
ATGATATTAGTTTTACTGACACACACGTGTCCCTACAGAATTCTACTAAGGTTGTTAATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5521_Genome_Tile|1
TTCTACTAAGGTTGTTAATACAGCTGTGCCACTTGCAACTGTACCTGATATTTATGCACA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5541_Genome_Tile|1
CAGCTGTGCCACTTGCAACTGTACCTGATATTTATGCACAAACGGGGCCTGACATAAGCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5561_Genome_Tile|1
GTACCTGATATTTATGCACAAACGGGGCCTGACATAAGCTTTCCTACTATTCCTATTCAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5601_Genome_Tile|1
TTCCTACTATTCCTATTCACATTCCATATATTCCTGTGTCCCCATCTATTTCCCCTCAGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5621_Genome_Tile|1
ATTCCATATATTCCTGTGTCCCCATCTATTTCCCCTCAGTCTGTTCCATACATGGCACT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5641_Genome_Tile|1
CCCATCTATTTCCCCTCAGTCTGTTTCCATACATGGCACTGATTTTTATTGTCATCCTTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5881_Genome_Tile|1
TTGCAGTGGGTCACCCATATTTCCCCCTAAAAATTCCTCTGGTAAAATAACTGTACCTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6561_Genome_Tile|1
GTGCCTTCCGATATGTATATTGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6581_Genome_Tile|1
TGCTGGCTCTAATACCAGGTCCAAAATTGCAGATAGTATATATTTTTCTACACCCAGTGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt7201_Genome_Tile|1
TAAAGCGTTCTGCACCATCCTCCTCTACGTCTGCCCCTGCCTCTAAACGCAAAAAAACTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7341_Genome_Tile|1
GTACTTGTGTGTATGTGTGTATATGTGTGTATGTATTGTTGCAATGACAAATAGAAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7521_Genome_Tile|1
TCCTGTGTTTTGAGTTTACTATTTGTAAGTGGCTTTGGTTTTAGTAATGGTTACTGTTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt7541_Genome_Tile|1
TATTTGTAAGTGGCTTTGGTTTTAGTAATGGTTACTGTTGTGGGTATGTAAAATGGCGTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt7561_Genome_Tile|1
TTTAGTAATGGTTACTGTTGTGGGTATGTAAAATGGCGTCTGAACGTCTTCCATTTTGTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt7661_Genome_Tile|1
GGTGTACGATAATTTGCAAAGGTTACTGTGCCCTGCCAAAATATGTTGGCACACTTTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt7761_Genome_Tile|1
TCCACTTTTACTATACAAATGTACCTTTTCACCTCTATGTTTTATTACCTTTTTATTCTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt7781_Genome_Tile|1
GTACCTTTTCACCTCTATGTTTTATTACCTTTTTATTCTTTTTGACATATATATTTGTTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt7801_Genome_Tile|1

TTTATTACCTTTTTATTCTTTTTGACATATATATTTGTTTTTCATAGTTACTAATAGCTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt7821_Genome_Tile|1
TTTGACATATATATTTGTTTTTCATAGTTACTAATAGCTTTTTTGGCTCACATAAATGAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7841_Genome_Tile|1
TTCATAGTTACTAATAGCTTTTTTGGCTCACATAAATGAACTGCAGTCATAAAATATGTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7861_Genome_Tile|1
TTTTTGGCTCACATAAATGAACTGCAGTCATAAAATATGTATGAGTAAGTGTGTGGTAAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt0081_Genome_Tile|1
CGGTGTATGTGCAACGGGACAGTCATGCCCCAACGGACGCTACACACCTACCAATATCTTT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt0101_Genome_Tile|1
AGTCATGCCCCAACGGACGCTACACACCTACCAATATCTTTTTGCTATGTCAGGAATATGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt1661_Genome_Tile|1
TGCAACAAAAGTAGGGAAACAGTGGCACACTGTATAGGCACTATATTAAATATTCCAGAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt2521_Genome_Tile|1
TATAGAGGCAGATGACAGTTTAAAGTATTACGGAGCAGAATGGTGGTGTTCGGTTTCT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3521_Genome_Tile|1
CTACACACGGACAAACAATAACCCTAACAACACACAGTGGACACGGGACAACCTGTATCAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3801_Genome_Tile|1
ATTGTGGCTACACAGGGACATATGTCTATGTGTGTATAAAGCATTGTGCATAACTGTGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3841_Genome_Tile|1
GCATTGTGCATAAATACTGTATACATTGGGTGTACCTGTATGTAACCTAGCTGTATAATACA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3861_Genome_Tile|1
TACATTGGTGTACCTGTATGTAACCTAGCTGTATAATACATTTTGCATACCTGACATATA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3881_Genome_Tile|1
TAACCTAGCTGTATAATACATTTTGCATACCTGACATATACAGCACAACCCTGGACCTTA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4061_Genome_Tile|1
GGTTTTTGTATATGCAGGTACTGTGGTACATTGAAGTGTATAAGTAAATCACACAACCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4201_Genome_Tile|1
GGTGGATATGATATAGTATTGTTTGAGCGTGGAGATGTTGGTATATTGGCATTAAATTTTG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4221_Genome_Tile|1
GTTTGAGCGTGGAGATGTTGGTATATTGGCATTAAATTTTGTACTGATTGCTATTATCTT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4241_Genome_Tile|1
GTATATTGGCATTAAATTTGTTACTGATTGCTATTATCTTAATTTTGTATACATACGCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4321_Genome_Tile|1
GTATTGTAATTTTGTATTGTTTGTAAATAAACTGGTACCATGCCAAAATCCCGTCGCAAAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4481_Genome_Tile|1
TCTTAAGTGGGCCAGCCTGGGTGTCTTCTTCGGTGGCCTTGGCATTGGCACCTCATCGGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5421_Genome_Tile|1
GCTGATGATACCCATTTGTCCTCTGTGTTACGGGGGCCCTCTCTTCCATCATTCACAGC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5441_Genome_Tile|1
CTCTGTGTTACGGGGGCCCTCTCTTCCATCATTCACAGCTCTACCCCTACAGCATCTAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5461_Genome_Tile|1
CTCTTCCATCATTCACAGCTCTACCCCTACAGCATCTACAAAGGTGTCGGCCACGTCCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5481_Genome_Tile|1
TCTACCCCTACAGCATCTACAAAGGTGTCGGCCACGTCCATACTATCCTCTTCCCATTAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5541_Genome_Tile|1
GACAATGTAACAGTCCCCTTGTCTGCAACAGATGTGCCCTATATACAGGTCCCGATATT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5881_Genome_Tile|1
CTTACTGTGGGTCACCCCTTACTATCCAGTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5901_Genome_Tile|1
CTATCCAGTTACTGTTACCACCCCTGGTCAGAACAAGAAATCCAATATTCCAAAGGTGTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6281_Genome_Tile|1
TTTGTGCCAATGTACAGCCCAAGACAGGGGATGTGCCACCATTGCAATTTACTAATTCTA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6581_Genome_Tile|1
CCTATTTTTTGAAGGGGGCGTCGTCTGGCCCTAGGGCCTCTTTAAGCAGTTATGTGTATG

>HPVcand87_Alpha_14475578_nt7261_Genome_Tile|1
AAAAAGTAGTGTGGTGTGTGCTATATTGTATGTCTGTTTGGTATGTACTTTTTATGTT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt7281_Genome_Tile|1
TGCTATATTGTATGTCTGTTTGGTATGTACTTTTTATGTTTTGTATGTATTGTGTTTGT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt7301_Genome_Tile|1
TGGTATGTACTTTTTATGTTTTGTATGTATTGTGTTTGTGTTTGTATATGCTTTGTATGTAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt0721_Genome_Tile|1
GGCCGATGCGGAAGGTACCAATGGCGGGGATGGGATAGATGGTACAAACGGGGCCGGAGG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1001_Genome_Tile|1
AGTCCTGCAACAAGCTCATGTGTATCCTGGGTGGACTGTGAATTGAGCCCGCGGTTGAAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1261_Genome_Tile|1
AGATGTGCAACAATCGCAGGAACGCACAGCAAGTATTGTAGAGCTGTTAAAAACCAGTAA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1821_Genome_Tile|1
TAGTGACGAAAGTGACCTAGCATATCAATACGCATTGCTGGGCAATGACGACCCCAATG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2061_Genome_Tile|1
AAAAAATAGAAATTTGTGACATTTATGAGTGCCTAAAAATGTTTTTAAGAAATATACCCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2081_Genome_Tile|1
TTTATGAGTGCCTAAAAATGTTTTTAAGAAATATACCCAAAAAAGCTGTATAGTAATA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2361_Genome_Tile|1
GAAACATAAAAAACCTGACACAGATACAATGTCCTCCCTTATTTATTACCACCAATATAA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2401_Genome_Tile|1
ATTTATTACCACCAATATAAATCCTTTGGAAGACGCAAATCTAAAAATACCTGCATAGTAG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2421_Genome_Tile|1
ATCCTTTGGAAGACGCAAATCTAAAAATACCTGCATAGTAGAATTGCAGTATTCCTACTTTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3021_Genome_Tile|1
GGGTACATATATGTGCAAACAGATACCGAGCAATGGTGTAAAGTACAAGGAAAGGTAAGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3041_Genome_Tile|1
AGATACCGAGCAATGGTGTAAAGTACAAGGAAAGGTAAGCTATGAAGGGCTATACTACGA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3241_Genome_Tile|1
TGCGAGAGATACCCCTGCTGAAACTACTAGACTGCTACACACCCCGAACCCACCACCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3661_Genome_Tile|1
GGTATGCCAATATAGAACAACGCACAGAATTCCTGCAACGTGTAACAATACCAAAAGGCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3681_Genome_Tile|1
CGCACAGAATTCCTGCAACGTGTAACAATACCAAAAGGCATACAAGCAATGCAAGGGTAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3761_Genome_Tile|1
ATATATATATGTACATATATATTACTGTAATCACATATAGCTACGTGTGTAAACAATATT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3781_Genome_Tile|1
ATTACTGTAATCACATATAGCTACGTGTGTAAACAATATTGTTTGTGCTGTATCTGAGCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4081_Genome_Tile|1
CACTGCTGCTATTGTGTATATACATAGTAGGTGTATTTGCAGGTGTTTAGTAGGTATGCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4101_Genome_Tile|1
TACATAGTAGGTGTATTTGCAGGTGTTTAGTAGGTATGCATCCTGTTATGGTACGCTCCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4201_Genome_Tile|1
CAGTGGTCTACTGTTTTTATTGTGCCTCATAGTGGCATTAAATACTGTTTGCTATATACAA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4221_Genome_Tile|1
TGTGCCTCATAGTGGCATTAAATACTGTTTGCTATATACAAGTTGTTGCAATTGTAACCTAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4241_Genome_Tile|1
ATACTGTTTGCTATATACAAGTTGTTGCAATTGTAACCTACCAGCGTTGTACATACCATAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4261_Genome_Tile|1
GTTGTTGCAATTGTAACCTACCAGCGTTGTACATACCATATTTCTGTTATTGTTGCTTTAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4801_Genome_Tile|1
TCCCTTACCGGTACCACTGTACAGGTTAGCAGTACCAACTTTTTAAATCCTGCATATACT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4861_Genome_Tile|1
GAGCCATCCATTATAGACCTCCCCAACTGGTGAGCTTTCGGGTCATGTGCTTACCAGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5461_Genome_Tile|1

CTTGATGCTGTATTACAGTCTGTGCCTTCTATGTCTTCCAGGCCCTTGGTCCCAGCAAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5501_Genome_Tile|1
GGCCCTTGGTCCCAGCAATGCCACCATATCTGCCACGTCTGTGGCATCCTCTCATACTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5601_Genome_Tile|1
GTCCACTGGCCCTGATGTGGAATTGCCTCAGTTTTCTGTACCTGTGTCTGTGCTAACGCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5621_Genome_Tile|1
AATTGCCTCAGTTTTCTGTACCTGTGTCTGTGCTAACGCCTTCCTTCCCTGCAACTACCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5641_Genome_Tile|1
CCTGTGTCTGTGCTAACGCCTTCCTTCCCTGCAACTACCCCATATTCTATATATATTGTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5681_Genome_Tile|1
CATATTCTATATATATTGTAGGTTCTGATTATTATTTGTTCCCTTCCTATATTTTTTTCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6241_Genome_Tile|1
GTTAATTGTGGGGTGTAAGCCCCCTATAGGAGAGCACTGGACCAAAGGTACCTTATGCCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7321_Genome_Tile|1
ACTGTGTGTGCGCGTTTGTCTAGTGTGTTTGTATATGTATGTATGGCCTGTTTGTATA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7341_Genome_Tile|1
CAGTGTGTTTGTATATGTATGTATGGCCTGTTTGTATATGTTGTGTATGTACCCCCCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7561_Genome_Tile|1
TACATTAGTGCCTCCATTTTGTGTGCTACATTTTGTATGACCCCATTTGTGTTACCCCGAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7741_Genome_Tile|1
GGGCGTGCCTGACATATTCTTGGCGGCCCTACAACCTGTTTTGCACACAAATTATACAGTGC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7901_Genome_Tile|1
ACTATGTGTCCCTATAAACTAAGCATGCTTTGTGCAAACCTGTTTTAACATACAAGGTGGG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7921_Genome_Tile|1
AGCATGCTTTGTGCAAACCTGTTTTAACATACAAGGTGGGGCAATGTGTAAGTCTACTTT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7961_Genome_Tile|1
GCAATGTGTAAGTCTACTTTTCCCTTATAATAATTTACAACAATCATCTGTATAATAAAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0081_Genome_Tile|1
CCAGCTTACAGTACATGTAATAGGATGGCTGAATTTGGCAATCCAGCTACCCGACCCTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0121_Genome_Tile|1
ATCCAGCTACCCGACCCTACAACTACCAGACCTATGCAACACACTGGACACATCACTGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0341_Genome_Tile|1
ATATTATAGCGACTCTGTGTATGGGGAAACGTTAGAAAACTAACAAATAGCAATATATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0401_Genome_Tile|1
TGATATATTAATAAGGTGTTTACGGTGTCAAAAACCTTTATGTCCGGCAGAAAACTAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0501_Genome_Tile|1
AAATATAGAGGACAGTGTGCGCCGGTGCATGACGCGTGCACAAGAACAGCAAGGCAGCCGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0621_Genome_Tile|1
TGTTAGATTTGGAACCATATAATGAAGTGCAAGAGGTTGACCTGTATTGCTATGAGGAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0661_Genome_Tile|1
CCTGTATTGCTATGAGGAATTAAACAACCTCAGAGGAAGAAATAGATGAACCAGATAATGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0681_Genome_Tile|1
TAAACAACCTCAGAGGAAGAAATAGATGAACCAGATAATGCAATTAATCACCGACAACCAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1181_Genome_Tile|1
AAGTATGGAGCACACAGCACAGAAAACAGTCCATGTCGTGATACAGCAAGTATACATAGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1261_Genome_Tile|1
AGAAATATCGTTAAATAGCTATAATAATACAGCTAAACGAAGGCTGTGTTCAAGTCCAGCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1381_Genome_Tile|1
TGTGTTTGGGGATGGGAAAAATGGCGACGGTTTAAATAGTGAGGCATGTAGTACAGATAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1461_Genome_Tile|1
AAAATCCAAACTCACCAATGACACAAATTGTGTCTTATTAAAAAGTAAATAATAAAAAAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1481_Genome_Tile|1
ACACAAATTGTGTCCTTATTAAAAAGTAAATAATAAAAAAGCAGCAATATTGGCTAAATTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt2441_Genome_Tile|1
CCGTAAACAGACACTAAGATAGCTATGGTAGATGATGCAACACCAACATGCTGGTCCTAT

>HPVcand85_Alpha_4574720_nt2761_Genome_Tile|1
CAGATTAGATTTGCACCAGGAAGAGGAGGATACAGAAAATGATGGATGCCCTATCCCAAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt2861_Genome_Tile|1
GACTGATAGTACAGACATATGTGATCAAATAGACTATTGGAAGTGTGTACGTCTGGAAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3041_Genome_Tile|1
GAGTCTTGCTAAATCAGAGTTTTAAAAATGAAC TGTGGACATTGCAAGATACGTGCCAAGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3141_Genome_Tile|1
GGACAAACCGTCGAAGTACGGTATGATGGAGACAAAGACAATACTATGCATTATACATCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3161_Genome_Tile|1
GTATGATGGAGACAAAGACAATACTATGCATTATACATCTTGGGACTATATATATTATGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3181_Genome_Tile|1
ATACTATGCATTATACATCTTGGGACTATATATATTATGTAACAGAAGGTGATAAGTGGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3241_Genome_Tile|1
GTAAAACCAAAGTTATGTGAATTATTGTGGATTGTATTATATAAAGGAGGGACAACAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3261_Genome_Tile|1
AATTATTGTGGATTGTATTATATAAAGGAGGGACAACAAACATATTATGTACAGTTTAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3281_Genome_Tile|1
TATAAAGGAGGGACAACAAACATATTATGTACAGTTTAAATGTGATGCACAACAATATGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3321_Genome_Tile|1
TGTGATGCACAACAATATGGACAGAGCGGTAAATGGGAAGTGTGGTATAATGGTAAAAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3341_Genome_Tile|1
ACAGAGCGGTAAATGGGAAGTGTGGTATAATGGTAAAAAAATTGAATGTGTAAATACCTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3361_Genome_Tile|1
TGTGGTATAATGGTAAAAAAATTGAATGTGTAAATACCTGTGACAAAAATAATACAATGTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3381_Genome_Tile|1
ATTGAATGTGTAAATACCTGTGACAAAAATAATACAATGTTCTGAATCTATGTACAGTACC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3401_Genome_Tile|1
TGACAAAAATAATACAATGTTCTGAATCTATGTACAGTACCTGTGACGAGACAGTATCCGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3461_Genome_Tile|1
TACTGCAATTGCTAGAGAATTACAACACCCACACACCGTATACCGAAGCCACCACCGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3501_Genome_Tile|1
TATACCGAAGCCACCACCGTGTGCACCCAAAAGAGCGGGGGTTCGGCGCCGACTAGAAAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3561_Genome_Tile|1
CCATTTCAGACATTGTGGATTTCACAGAAACAAGTGAAGTCGACGGACTGTCCGTGGACCAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3581_Genome_Tile|1
CACAGAAACAAGTGAAGTCGACGGACTGTCCGTGGACCACCTCAACAACCCCTGCTTAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3701_Genome_Tile|1
GCACCTAAAAGGTGATAAAAATAGATTAAAGTGTGCGATACAGGCTACAAAAGTTCCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3721_Genome_Tile|1
ATAGATTAAAGTGTTTGCATACAGGCTACAAAAGTTCATAATTTATATACACAAATAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3741_Genome_Tile|1
TACAGGCTACAAAAGTTCATAATTTATATACACAAATATCATGTACGTGGCATTGGATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3761_Genome_Tile|1
TAATTTATATACACAAATATCATGTACGTGGCATTGGATAGGTGGTAAAGAAACAACAAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3781_Genome_Tile|1
CATGTACGTGGCATTGGATAGGTGGTAAAGAAACAACAAGGACTGGTATATTAACATTGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3821_Genome_Tile|1
GACTGGTATATTAACATTGGCATATGCAAATGAAACCCAAAGACAAAAATTTTGGATGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3861_Genome_Tile|1
AGACAAAAATTTTGGATGTTGTAAAAATACCTAATACTGTTAATGTATCCCTTGGTTAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3881_Genome_Tile|1
TGTAAAAAATACCTAATACTGTTAATGTATCCCTTGGTTATATGACATTGTAATAGGGGTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3901_Genome_Tile|1
TTAATGTATCCCTTGGTTATATGACATTGTAATAGGGGTATGTTAATTGCTGTATTTTTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4021_Genome_Tile|1

GTGTGTGCGCATGCTTGGCTACTTGTGTTTTTGTTAATAGTTTTTATTACTACCCCTTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4041_Genome_Tile|1
ACTTGTGTTTTTGTTAATAGTTTTTATTACTACCCCTTTTACTGCATTTATTGTATATAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4061_Genome_Tile|1
TTTTTATTACTACCCCTTTTACTGCATTTATTGTATATATATTTTTTTTTTATATTGCCAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4081_Genome_Tile|1
ACTGCATTTATTGTATATATATTTTTTTTTTATATTGCCAATGTTTTTATTGCATTTGCAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4101_Genome_Tile|1
ATTTTTTTTTTATATTGCCAATGTTTTTATTGCATTTGCACAGTGTACATACATTTGACTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4121_Genome_Tile|1
TGTTTTTATTGCATTTGCACAGTGTACATACATTTGACTAAGTACTATATAACCTGTATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4141_Genome_Tile|1
AGTGTACATACATTTGACTAAGTACTATATAACCTGTATTGTACAGGACATTACATTGGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4161_Genome_Tile|1
AGTACTATATAACCTGTATTGTACAGGACATTACATTGGTAGTGTAATACCTTTTTGTAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4181_Genome_Tile|1
GTACAGGACATTACATTGGTAGTGTAATACCTTTTTGTAATAAACATTGGTATCCCATCGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4541_Genome_Tile|1
TTAGTTGAAGAGTCCAGTATTGTTACATCTGGAGCTCCTGTTCCCTACATTTACAGGCACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4761_Genome_Tile|1
ATATTTTTTATTACTACCCCTACATCTGGGACACATGGATACGAGGAAATCCAATGCACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4881_Genome_Tile|1
GGCGTGTGGCAGGACCTAGATTATATAGTCAAGCGTATCAACAAGTTAAAAATACTAATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4921_Genome_Tile|1
ACAAGTTAAAAATACTAATTCAGACTTTATATCCCGTCCATCTACGTTGGTTACATTTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4941_Genome_Tile|1
CAGACTTTATATCCCGTCCATCTACGTTGGTTACATTTACCAATCCTGCATATGAGCCTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4981_Genome_Tile|1
CAATCCTGCATATGAGCCTATAGACACTACATTAACCTTTTCACCACAGGATGTTGTGCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5281_Genome_Tile|1
TGACATTTATGCTGACACTGATATTGATAATAATGCCATGCTATATGATAGAAATATTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5301_Genome_Tile|1
ATATTGATAATAATGCCATGCTATATGATAGAAATATTTCTGATGTTACACAACCTACCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5321_Genome_Tile|1
CTATATGATAGAAATATTTCTGATGTTACACAACCTACCACTTCAACTATATCTAGTGTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5341_Genome_Tile|1
TGATGTTACACAACCTACCACTTCAACTATATCTAGTGTATCCTCTCGTTATAGTAATAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5361_Genome_Tile|1
CTTCAACTATATCTAGTGTATCCTCTCGTTATAGTAATACTACTATTCCCTTAGCAACAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5381_Genome_Tile|1
TCCTCTCGTTATAGTAATACTACTATTCCCTTAGCAACATCTTGGGATGTTCCCTGTTTAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5421_Genome_Tile|1
CTTGGGATGTTCCCTGTTTCATACAGGGCCTGACATGACATTACCTACTACTATACCCAGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5441_Genome_Tile|1
ACAGGGCCTGACATGACATTACCTACTACTATACCCAGTGGCCTAATATAGTACCTTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5461_Genome_Tile|1
ACCTACTACTATACCCAGTGGCCTAATATAGTACCTTTACTGCCTAATAATACACATTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5481_Genome_Tile|1
GGCCTAATATAGTACCTTTACTGCCTAATAATACACATTTCAGTTGTACTTCAGGGAACAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5501_Genome_Tile|1
CTGCCTAATAATACACATTTCAGTTGTACTTCAGGGAACAACTATTATTTATGGCCTAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5521_Genome_Tile|1
AGTTGTACTTCAGGGAACAACTATTATTTATGGCCTAATTATTATTTATTTTCAAAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5681_Genome_Tile|1
AGACGATTATGTAACACGTACCAGTACATTTTATCATGCTGGCAGCTCTAGGCTTCTAAC

>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5721_Genome_Tile|1
GGCAGCTCTAGGCTTCTAACCGTTGGACATCCATACTATAAAGTTACCTCAAATGGAGGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5981_Genome_Tile|1
CAAATTGGATGACACAGAAAATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGACACTAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6001_Genome_Tile|1
ATTCCCATGTTGCTACTTCTGTAGTTACACACGACACTAGAGATAATGTGTCAGTGGATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6121_Genome_Tile|1
AGGGTACTGCCTGTAAGCCCCGGTGCTGTGCAAACAGGTGACTGTCTCTCCATTAGAACTAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6381_Genome_Tile|1
CGCCATTTTTTGAACAGGGGAGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6401_Genome_Tile|1
AGGCACTATAGGAGATGCAGTACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6421_Genome_Tile|1
TACCGGAAACATTATATATAAAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6441_Genome_Tile|1
AAAGGTACTAATGATAGGGCAACACCTGGAAGCTGTATTTATTCTCCATCACCTAGTGGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6621_Genome_Tile|1
CGTAGTACCAATCTTACCTTATCTACTGCAACTACTAATCCAGTTCCATCTATATATGAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6741_Genome_Tile|1
CAATTGTGTAAAAATTACACTTACTACTGATTATGTCTTATATACATAACATGGATCCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt6761_Genome_Tile|1
TACTACTGATGTTATGTCTTATATACATAACATGGATCCTACTATTTTAGATAGTTGGAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7061_Genome_Tile|1
GAAACGTGTTGCTTCTACTTCTACTGCTACTAGGCCCTCCAAACGGAACGTACTGCTAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7081_Genome_Tile|1
CTACTGCTACTAGGCCCTCCAAACGGAACGTACTGCTAAATAATGTGTTGTGTATAATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7101_Genome_Tile|1
AAACGGAACGTACTGCTAAATAATGTGTTGTGTATAATTGTGTTGTTTGTTTGTATATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7121_Genome_Tile|1
ATAATGTGTTGTGTATAATTGTGTTGTGTTTGTGTTATATGTGTGTTTCCTTATATGTTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7301_Genome_Tile|1
ACTGTCCCTTTATTATCCCTTGTATCCTGTGTATCCTGTGTGCCCTTTGTTTCCTACTTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7321_Genome_Tile|1
TGTATCCTGTGTATCCTGTGTGCCCTTTGTTTCCTACTTTATATAGGGTGTGTTATATGTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7381_Genome_Tile|1
ATACATTATTTATAATACACTTTGTAGCGTCCATTTTATCCATTTGTATCCTACAAGCCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7461_Genome_Tile|1
TATCGGTTGCCCTTTGACACACCTAACATTATACATTCTTATTGTTACATTATTTAAAGTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7661_Genome_Tile|1
TATTTTCACTGTTTTTACTTGCTTTAATTACACTATTGGCCTGTACAACTACTTTTAGAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt7701_Genome_Tile|1
CTGTACAACTACTTTTAGATTCAAGAATGTGTCTTGTAGGTTATATACCTGTCACTGATT
>HPV74_Alpha_27462483_nt0101_Genome_Tile|1
GCAGGAAAACCTTGTCTTGTCCAGAGGTATATTCCTTTGCCTATAAAAAATTTGTATATAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt0121_Genome_Tile|1
CCAGAGGTATATTCCTTTGCCTATAAAAAATTTGTATATAGTATACCGAGGAACTTTCCA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3321_Genome_Tile|1
GACGTTCCACCAACACCAACACCAACCAACCAACACCAAGCACCAGTGTGTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3581_Genome_Tile|1
CATGGACCACTCCCACTATACCCACAAACATGCACTAGTAACACTAACATATGCTAAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt3621_Genome_Tile|1
TAACACTAACATATGCTAATGAACAACAGCGACAACAGTTTTTAGATACTGTAAGACTAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt3641_Genome_Tile|1
GAACAACAGCGACAACAGTTTTTAGATACTGTAAGACTACCTACAACAATTAGTTATAAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt3661_Genome_Tile|1

TTTAGATACTGTAAGACTACCTACAACAATTAGTTATAAGTTGGGATATATGTCATTACA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3681_Genome_Tile|1
CTACAACAATTAGTTATAAGTTGGGATATATGTCATTACAATTGTTGTAATAGTGCATTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt3701_Genome_Tile|1
TTGGGATATATGTCATTACAATTGTTGTAATAGTGCATTGTAAATATTGTATGTATTGTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3721_Genome_Tile|1
ATTGTTGTAATAGTGCATTGTAAATATTGTATGTATTGTACATGGACCTAATACCTATAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt3861_Genome_Tile|1
ATTATAGCAATAACTGATTTTTTTTGTATATACATCCATACTGGTACTAACACTCATTCTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3981_Genome_Tile|1
GTGTGCTATCTACCTGCGTTTTCTTTGCATTTATATATTTTACATAATTTAGAGTAACTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt4081_Genome_Tile|1
GTTGTTATTATGGTTGTTAACTGCACTTATCGTAGCTATTCTTGCATTATTGTTAATGCA
>HPV74_Alpha_27462483_nt4101_Genome_Tile|1
CTGCACTTATCGTAGCTATTCTTGCATTATTGTTAATGCATTTCAAGGGTGTAAACGCCTT
>HPV74_Alpha_27462483_nt4141_Genome_Tile|1
TTTCAAGGGTGTAAACGCCTTCTGTATGCAGTAAATAAGTGTTTTTATACATGCTGTGTAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt4681_Genome_Tile|1
AGAAATCCCTCGTTTACTGACCCCTCTGTTATACAGTCTCAACCCCCGTAGAGGCTGGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt4701_Genome_Tile|1
CCCTTCTGTTATACAGTCTCAACCCCCGTAGAGGCTGGTGGTCATGTGCTGATTTCCCTC
>HPV74_Alpha_27462483_nt4761_Genome_Tile|1
CTCTACTGTTTCTTCCCATCCAGTAGAGGAAATACCTTTAGATACATTTATTGTCTCCTC
>HPV74_Alpha_27462483_nt5001_Genome_Tile|1
ATTTCAACACAATACAATACATAATCCTCCTGATGATGCCTTTATGGACATTATTGCCT
>HPV74_Alpha_27462483_nt5721_Genome_Tile|1
TAGGAAATCCCTATTTCCCTATAAAACAGGTTAAACAAAACAGTTGTTCCCTAAAGTGTCTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6101_Genome_Tile|1
CAATGTTCTAATGTTACTGTAAAGCCAGGCGATTGCCCTGCATTAGAATTAATTACTAGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt6401_Genome_Tile|1
GACCTATATATTAAGGGTACTACACGTGGTACACTTGCCAATGCTATTTACTTTAATACC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6601_Genome_Tile|1
CATGACAGTGTGTGCGCTACTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6621_Genome_Tile|1
CTACACAATCCCCTCCTGCTGCTACATATACTAGTACAGACTACAAACAATACATGAGAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6881_Genome_Tile|1
CCTGATAAAGCAAAGCCTAATCCCTATGCCAATTTAAGTTTTTGGGAAGTAAATCTTAAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7021_Genome_Tile|1
GGTTTCGTGTAGGTAAAAAGCGTTTCGGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7041_Genome_Tile|1
GTTTCGGCCCCCTACAGCCCCCTCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGGAAACGATAGC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7061_Genome_Tile|1
TCCTCAACCACTAAACAGAAACGCTCTAGGAAACGATAGCATGCTTTTGTTTTGTGTGTT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7081_Genome_Tile|1
ACGCTCTAGGAAACGATAGCATGCTTTTGTTTTGTGTGTTATATGTTGTTGCATGGTATA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7101_Genome_Tile|1
ATGCTTTTGTTTTGTGTGTTATATGTTGTTGCATGGTATATGTGTGTTGTATTATATTGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7141_Genome_Tile|1
TGTGTGTTGTATTATATTGTGTGTCATATGTTGTTGTATGGTTTATGTTGTATGTACTTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7181_Genome_Tile|1
GTTTATGTTGTATGTACTTGTGTGTCATATTGTATGTGTGTCATGTTGTGTAATGTTGTATG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7241_Genome_Tile|1
TACTGCCTGTATGTGTTTACTGTTGTATGTACTGCATGTATGTGTTTGTGTGTACAATA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7261_Genome_Tile|1
TGTTGTATGTACTGCATGTATGTGTTTGTGTGTGTACAATAAAGTTTATCTATCCCTGTGT

>HPV74_Alpha_27462483_nt7281_Genome_Tile|1
TGTGTTTGTGTGTACAATAAACTTTATCTATCCCTGTGTCCTGTTTTACCCTGTACGTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7301_Genome_Tile|1
AACTTTATCTATCCCTGTGTCCTGTTTTACCCTGTACGTGTGTGTCTTGTCTTATAATTC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7321_Genome_Tile|1
CCTGTTTTACCCTGTACGTGTGTGTCTTGTCTTATAATTCTATATACCTAATTTACCTTT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7441_Genome_Tile|1
ATCCTGTAACCAATTTGTTGCAGCAAGCATTTTATGTAATCCTATATACTGTTTGCCAAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7581_Genome_Tile|1
ATAACACTCCTGTCTGCCTGTTTAAACAATTGGGTACTTTGTTAATACATTTTTGTAGTTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7601_Genome_Tile|1
TTTAACAATTTGGGTACTTTGTTAATACATTTTTGTAGTTGGTAGCCAACCTTTTAAAAGCA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7741_Genome_Tile|1
CCGGTATCGGTTAACACACGCCCTCTGCACTTCCTTATTATACATAATAACAATTTTACC
>HPV69_Alpha_6970418_nt0061_Genome_Tile|1
GCATATAAAAAGTAAAAGACACAGCCATACACAAAACCAGCTATGTTTCAAGATCCCAGAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt1021_Genome_Tile|1
CTAATTGGATTTATAGATGATAGTAATATTAGTGATGGGGCAGAGCAACAGGTAGCGCAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt1341_Genome_Tile|1
TGTGTGTAGTCAGGGGGGGTCAAGTGGATCTGTATCAGACATGGAGGTGGACATAGGAGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt1361_Genome_Tile|1
CAAGTGGATCTGTATCAGACATGGAGGTGGACATAGGAGCACAGGCAAGTAGTGTAACCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt1661_Genome_Tile|1
TACTACCACTAATGCTAATACGATTTACATGTGCCAAAAATAGAGCAACAATTAAAAAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt2121_Genome_Tile|1
ACAACATAGGTGTTCAAAAATAGAAGATGGAGGAACGTGGAAGGACATAGCAAGATTTCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt2141_Genome_Tile|1
TAGAAGATGGAGGAACGTGGAAGGACATAGCAAGATTTCTAAGATATCAAAATGTTAATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt2541_Genome_Tile|1
AAACATTAATCCACAAGACGACAATTCATTAATGTATTTACATAGTAGAGTAACAGTTAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt2981_Genome_Tile|1
AATTCAGAAATATGGAAGAGAAATGGACTATGAGAGACACGTGTTATGAATTGTATGTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt3001_Genome_Tile|1
GAAATGGACTATGAGAGACACGTGTTATGAATTGTATGTGACAGAGCCAAAACACTGTTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt3141_Genome_Tile|1
TGTATTATAAAACAGATATGGGATGGTGTAAAACAAATGGAGAAGTGGATTATAAGGGGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt3181_Genome_Tile|1
AGAAGTGGATTATAAGGGGATATACTATATGCATGGGTGTTGTAAACAGTACTATGTGGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt3201_Genome_Tile|1
TATACTATATGCATGGGTGTTGTAAACAGTACTATGTGGACTTTAAACAAGAGGCGTTAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt3741_Genome_Tile|1
CAATTACATTTGATAGTGAAACACAACGTGCTAGTTTTCTTACAACCTGTTAAGATACCAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt3801_Genome_Tile|1
AGAGTATAACATCAACATTGGGTATAATGTCATTGTAATCTATAGTGTAACATATATACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4041_Genome_Tile|1
ACATCATTTACAGCTACGTTTTTTGTATATATTTGTTTGTATATACCTGCATTTTTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt4081_Genome_Tile|1
TTTATATACCTGCATTTTTGTACATTTTATGCTGTAATTTTACTACCTAATGGTTTAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt4101_Genome_Tile|1
TTACATTTTATGCTGTAATTTTACTACCTAATGGTTTATAAATAAACACTTCATAATGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt4121_Genome_Tile|1
TTTACTACCTAATGGTTTATAAATAAACACTTCATAATGGTGGCTGTTTCGTGCATCACGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4461_Genome_Tile|1
CTTCCATAGTTACTTTTAGTAGAAGAATCAAGTATTATACAATCTGGATCTCCATTTCCCTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4561_Genome_Tile|1

TACTACAACCCCTGCTGTGTTAGATATTACCCCTCCCCTGGAAGTGTACACGTTACCAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt4581_Genome_Tile|1
TAGATATTACCCCTCCCCTGGAAGTGTACACGTTACCAGCACAAATATACAAAACCCAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt4621_Genome_Tile|1
CACAAATATACAAAACCCATTATATATTGAACCACCTGTAGATATTCCCTCAGTCTGGAGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4641_Genome_Tile|1
TATATATTGAACCACCTGTAGATATTCCCTCAGTCTGGAGAGGCTTTAGGACACATTTTTTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4661_Genome_Tile|1
GATATTCCCTCAGTCTGGAGAGGCTTTAGGACACATTTTTTACTAGCACATCTACTGCCGGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt4901_Genome_Tile|1
TTTATTACCTTTGATAATCCTGCATATGAACCTATGGACACTACCCTCACATTTTCTGCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4921_Genome_Tile|1
TGCATATGAACCTATGGACACTACCCTCACATTTTCTGCAGATAGCCACGTGGCCCCCTGA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5121_Genome_Tile|1
ATCATGACATAAGTCCTATACATGCTACAGAGGAAGCTATTGAATTACAACCTTTAATTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5141_Genome_Tile|1
CATGCTACAGAGGAAGCTATTGAATTACAACCTTTAATTACTTCAGAACAGCACTCTACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5161_Genome_Tile|1
TGAATTACAACCTTTAATTACTTCAGAACAGCACTCTACACCATTGTTTGATGTTTATGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5181_Genome_Tile|1
CTTCAGAACAGCACTCTACACCATTGTTTGATGTTTATGCTGATGCTGACCCTGCCCCCTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5201_Genome_Tile|1
CCATTGTTTGATGTTTATGCTGATGCTGACCCTGCCCCCTACATTTACATTTCCATCTACT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5221_Genome_Tile|1
TGATGCTGACCCTGCCCCCTACATTTACATTTCCATCTACTACACCTACTACAATCCCTAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5241_Genome_Tile|1
CATTTACATTTCCATCTACTACACCTACTACAATCCCTAGATTTTCTTCTACAATATTTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5261_Genome_Tile|1
ACACCTACTACAATCCCTAGATTTTCTTCTACAATATTTTCAACCACTAGTAGTGCACCC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5281_Genome_Tile|1
ATTTTCTTCTACAATATTTTCAACCACTAGTAGTGCACCCTTAAATGTTACCATACCTCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5301_Genome_Tile|1
CAACCACTAGTAGTGCACCCTTAAATGTTACCATACCTCTATCTACATCATTTGATATAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5321_Genome_Tile|1
TTAAATGTTACCATACCTCTATCTACATCATTTGATATACCTATATATAACGGCCCTGAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5361_Genome_Tile|1
CTATATATAACGGCCCTGACATTTATGCTCCTGTACCTTCTTCCACATGGCCTTATATTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt7181_Genome_Tile|1
GTGTTTTCTGTGTTGTGTGGTTTACTGCATGCTTGTTATTTAATAAAACAATGAATGTGTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt7201_Genome_Tile|1
TTTACTGCATGCTTGTTATTTAATAAAACAATGAATGTGTTGTTATTTGTTATTTCTTCCTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt7221_Genome_Tile|1
TAATAAAACAATGAATGTGTTGTATTTGTTATTTCTTCCTCCGTAGGGTATAGGGAAGTAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt7241_Genome_Tile|1
GTATTTGTTATTTCTTCCTCCGTAGGGTATAGGGAAGTAACTTAGGTAGTGTTTAGGTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt7401_Genome_Tile|1
CTTGGCTTGCCTAGACGTGGCTCACCTACATTACTCACATATCTTTTAAACAATAGTTGCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt7541_Genome_Tile|1
GTTGGCTAGCAGTTTTACTGTTTTATGCCAATATATGTCTGACACATTCCTTTTAAACAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt0041_Genome_Tile|1
CGGTGCTGCACACCTTACATTCTTTGTGGTTATTAGTAACAATTATTATGCTTGTACTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt0381_Genome_Tile|1
AAAATTTTATGGTAAAATAAGCCAATATAGGCATTTTAAGTACGCGGCATTAGCAGTAAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt0421_Genome_Tile|1
TACGCGGCATTAGCAGTAACAGTAGAGGAAGAAACACAACAAACTGTATTCGAGTTGTGC

>HPV91_Alpha_22023568_nt0441_Genome_Tile|1
AGTAGAGGAAGAAACACAACAACTGTATTCGAGTTGTGCATTTCGCTGTTGTAAGTGCCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt0461_Genome_Tile|1
AAACTGTATTCGAGTTGTGCATTTCGCTGTTGTAAGTGCCACAAGCCATTGTCGCCTATAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt0521_Genome_Tile|1
AAAAGGTGCAGCACATTGTGCAAAAAGCCCACTTTTTTTTACATAAGTAACGCGTGGAAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt0541_Genome_Tile|1
CAAAAAGCCCACTTTTTTTTACATAAGTAACGCGTGGAAGGGATATTGCCTACACTGCTGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt1681_Genome_Tile|1
CCATATGTTATTAAAAGAACAACATTATACCTACATACCCAATGGGTTACATGCCGATG
>HPV91_Alpha_22023568_nt1841_Genome_Tile|1
ATATTGATACAGCCTCCAAAATTACAAAGCGCTCCAGCAGCACTGTTTTGGTTTAGAGCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt3581_Genome_Tile|1
AACTGTTGGAGGAGAGCCATTGGACAGTAGAGACCCACGAATCATCCCTAAGCATTCGAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt3821_Genome_Tile|1
TACATTAACATATGCTAGTGTAACAACAAAGGGAGGCGTTTTTAGCTAATGTAAAAATTCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt3841_Genome_Tile|1
TACAACAAAGGGAGGCGTTTTTAGCTAATGTAAAAATTCCCACAACAATTAAACATTGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt3861_Genome_Tile|1
TTAGCTAATGTAAAAATTCCCACAACAATTAAACATTGTTTAGGATTTTTAACAATTATG
>HPV91_Alpha_22023568_nt3921_Genome_Tile|1
TAAATAGTACCCTATGAATTTGTAAAACCTACCTTGTATATTGCTTGTATAGTGGAAGTGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt3941_Genome_Tile|1
TGTAAAACTACCTTGTATATTGCTTGTATAGTGGAAGTGTACTGTGACGTTAAGGGTGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4041_Genome_Tile|1
TTTTGTTAATAGATGTAAAGCTTGGCATTTTATTAGTTAATGTGCTTGTTCGATAATTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt4161_Genome_Tile|1
CTTCTATACTTTACTTTTTATCTTGGTCTGCACTTATATCACTTACTAACGTGTTTATAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4181_Genome_Tile|1
TCTTGGTCTGCACTTATATCACTTACTAACGTGTTTATATTAATACTTGTAGTGTGGTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4201_Genome_Tile|1
ACTTACTAACGTGTTTATATTAATACTTGTAGTGTGGTTTGTACCGGCCCTTTTATTACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4221_Genome_Tile|1
TAATACTTGTAGTGTGGTTTGTACCGGCCCTTTTATTACATTTACATATTACATATTACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4281_Genome_Tile|1
TTGCAAAATTGAAACACAGCAATTGTAAATACATTGGTGTGCATATATTTGTACCTAGCAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4301_Genome_Tile|1
ATTGTAAATACATTGGTGTGCATATATTTGTACCTAGCATTATGTTAACTTGTCAATTTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt4421_Genome_Tile|1
TGTTATTAGTGTTTCATTATAGGACAGTTAAGCTGCTGCCCTCCAGCAAATAAACAAATT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4701_Genome_Tile|1
GAAGAACAGGCTATGTACCTATTCCAACAGGTCGCACAGGTACTGTTCCCTAAAGTTAGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt4821_Genome_Tile|1
CTTCCATTGTTTCATTAAATTGAAGAATCAAGTATAATTGAGTCCGGGGCTCCAATCACAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4881_Genome_Tile|1
CTATACCATCCCATGGTGGTTTTGAGGTAACATCATCTGGGTCAGATGTCCCAGCCATTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4901_Genome_Tile|1
TTTGAGGTAACATCATCTGGGTCAGATGTCCCAGCCATTTTAGATGTGTCACCAACAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5061_Genome_Tile|1
TTTCCCAATCTACTATTACAGCCCATAGTGCAGAAGACATTCCCTATGGATACATTTGTTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5481_Genome_Tile|1
TTAGTCCAATTGCAACACAGGAATCTATTGAATTACAGCCCCTAGGACATTCTACTGTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5501_Genome_Tile|1
GAATCTATTGAATTACAGCCCCTAGGACATTCTACTGTTAATGTTCCCTGATGCCACTGAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5521_Genome_Tile|1

CCTAGGACATTCTACTGTTAATGTTCTGATGCCACTGACTTGTATGATATTTATGCAGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5541_Genome_Tile|1
ATGTTCTCTGATGCCACTGACTTGTATGATATTTATGCAGATGATAGCATTTTAGATGTAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5561_Genome_Tile|1
TTGTATGATATTTATGCAGATGATAGCATTTTAGATGTACCTCATACCAACACCAATGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5601_Genome_Tile|1
CTCATACCAACACCAATGTGTCTACACTGCCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5621_Genome_Tile|1
TCTACACTGCCCTAACACAACAAAAATTGTTAACTACTACAGTCCCACTTGCAACAGTACCT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5701_Genome_Tile|1
ACCTGATATTACATTTCTACAGTGCCACTTAGTGTCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5721_Genome_Tile|1
CAGTGCCACTTAGTGTCCCCTATGTGCCATTGTCACCGTCTGTTACACCTTCTGCAGTAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5761_Genome_Tile|1
TGTTACACCTTCTGCAGTATCAATATATGGCACAGATTTTTATTACATCCTTCATTGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6001_Genome_Tile|1
TGGGCCACCTTTTTTCTCTATAAAAAATAATTCTGGTAAAGTAATTGTTCTTAAAGTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6561_Genome_Tile|1
GATTATTTAGGAATGGCAGCCGAGCCATACGGAAATAGTTTATTTTTCTTTTACGTAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6641_Genome_Tile|1
TTTTCTTTAATAGGGCTGGTACTACAGGCGATGCTGTCCCTAAGGATTTGTATATTGCAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6661_Genome_Tile|1
CTACAGGCGATGCTGTCCCTAAGGATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6681_Genome_Tile|1
AAGGATTTGTATATTGCAGGAACAGGCAACAGGGCGAACATAGCAGGCAGTATATATTAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6861_Genome_Tile|1
GTTGTGGATACAACCTCGCAGCACTAACTTAACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6881_Genome_Tile|1
CACTAACTTAACCTTGTGTGCATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6901_Genome_Tile|1
CATCCACTGAGTCTGTGCTACCTACTACATATGACAACACAAAGTTCAAAGAATATTTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7001_Genome_Tile|1
ATGCATTATAACACTTAATCCAGAGGTAATGACATACATCCACACTATGGATGCATCATT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7081_Genome_Tile|1
GGGTATCCCCCTCCAGCCACGGCATCACTAGAGGATACTTATCGCTTTTTGGCTAATAAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7141_Genome_Tile|1
CAATTGCCTGTCAAAAAAATGTCCCAACAAAAGCCAAAGAGGACCCATACAAAAACTATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7341_Genome_Tile|1
TCAGCGCCTGCCTCCAAACGAAAGAAAATAAGCGATAACTATTATATTACTGTATGTTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7381_Genome_Tile|1
TATTATATTACTGTATGTTGTGTATGTGCATTTGTGTATTGTATGTGGTTTGTATACATG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7441_Genome_Tile|1
TGTGTGTGTATTTATGTATTTATACATGTGTGTTATGTGTGCTGTATGGAATGAGGAATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7581_Genome_Tile|1
TGTGTTTCTTTCTGTTTGTGTTATGAATGTCCAGCGTTGGGGCAGCGTTGGGGTTTAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7601_Genome_Tile|1
TGTTATGAATGTCCAGCGTTGGGGCAGCGTTGGGGTTTAGGTCTGGTGGTAGTCATGGCG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7621_Genome_Tile|1
GGGGCAGCGTTGGGGTTTAGGTCTGGTGGTAGTCATGGCGTCTGTTTGGTTACAAAAAGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7741_Genome_Tile|1
ATAATTGCAAGGTTACATTGACCTGCCAAAATATGTTGGCACAGTATAATTTCCCTTTGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7841_Genome_Tile|1
TATAAATTTTACCTTTTTTACCTTTGTGTTGCTAAGGTTTTATTACTTTTAACCACATAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7861_Genome_Tile|1
CTTTGTGTTGTCTAAGGTTTTATTACTTTTAACCACATACATGTTTTATGGCTTTGCTTA

>HPV91_Alpha_22023568_nt7881_Genome_Tile|1
TATTACTTTTAACCACATACATGTTTTATGGCTTTTGCTTAAAAGCTTTTTTGGCTCACAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7901_Genome_Tile|1
ATGTTTTATGGCTTTTGCTTAAAAGCTTTTTTGGCTCACATAACAATAAAGCACCCATAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt0061_Genome_Tile|1
GCAGAAGTGCACAAAAAGCAGAAGTGGACAGACATTGTAAGGTGCGGTATGTTTCAGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt0081_Genome_Tile|1
AGAAGTGGACAGACATTGTAAGGTGCGGTATGTTTCAGGACCCAGCTGAACGACCTTACA
>HPV35_Alpha_333050_nt0141_Genome_Tile|1
AACTGCATGATTTGTGCAACGAGGTAGAAGAAAGCATCCATGAAATTTGTTTGAATTGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt0161_Genome_Tile|1
GAGGTAGAAGAAAGCATCCATGAAATTTGTTTGAATTGTGTATACTGCAACAAGAATTA
>HPV35_Alpha_333050_nt0361_Genome_Tile|1
TGGAGAAACGTTAGAAAAACAATGCAACAAACAGTTATGTCATTTATTAATTAGGTGTAT
>HPV35_Alpha_333050_nt0461_Genome_Tile|1
CATTTAGAAGAAAAAAACGATTCCATAACATCGGTGGACGGTGGACAGGTGCGGTGTATG
>HPV35_Alpha_333050_nt0481_Genome_Tile|1
ATTCCATAACATCGGTGGACGGTGGACAGGTGCGGTGTATGTCCTGTTGGAAACCAACACG
>HPV35_Alpha_333050_nt0501_Genome_Tile|1
GGTGGACAGGTGCGGTGTATGTCCTGTTGGAAACCAACAGTAGAGAAACCGAGGTGTAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt0701_Genome_Tile|1
AACCAGACACCTCCAATTATAATATTGTAACGTCCTGTTGTAAATGTGAGGCGACACTAC
>HPV35_Alpha_333050_nt0721_Genome_Tile|1
AATATTGTAACGTCCTGTTGTAAATGTGAGGCGACACTACGTCCTGTGTGTACAGAGCACA
>HPV35_Alpha_333050_nt0921_Genome_Tile|1
GTTTTTTGTAGAAGCAGTAGTTAGTAGACGTACGGGATCCAGTGTAGAGGACGAAAATGA
>HPV35_Alpha_333050_nt0981_Genome_Tile|1
AGATGACTGTGACAGGGGGGAGGATATGGTGGACTTTATAAATGATACAGATATATTAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt1001_Genome_Tile|1
AGGATATGGTGGACTTTATAAATGATACAGATATATTAAACATACAGGCAGAAACAGAGA
>HPV35_Alpha_333050_nt1121_Genome_Tile|1
TAAACGAAAGTATGCTAGTAGTCCACTTAGCAGCGTGAGCTTATGTGTTAATAATAACA
>HPV35_Alpha_333050_nt1141_Genome_Tile|1
AGTCCACTTAGCAGCGTGAGCTTATGTGTTAATAATAACATAAGTCCACGTTTAAAAGCT
>HPV35_Alpha_333050_nt1161_Genome_Tile|1
CTTATGTGTTAATAATAACATAAGTCCACGTTTAAAAGCTATTTGCATTGAAAATAAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt1281_Genome_Tile|1
GGAAATACACGAGATACAACAGGTAGAGGGGCATGATACAGTTGAACAATGTAGTATGGG
>HPV35_Alpha_333050_nt1301_Genome_Tile|1
AGGTAGAGGGGCATGATACAGTTGAACAATGTAGTATGGGCAGTGGGGATAGTATAACCT
>HPV35_Alpha_333050_nt1321_Genome_Tile|1
GTTGAACAATGTAGTATGGGCAGTGGGGATAGTATAACCTCTAGTAGCGATGAAAGACAT
>HPV35_Alpha_333050_nt1361_Genome_Tile|1
CTAGTAGCGATGAAAGACATGATGAGACTCCAACGCGAGACATAATACAAATACTAAAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt1381_Genome_Tile|1
GATGAGACTCCAACGCGAGACATAATACAAATACTAAAATGTAGTAATGCAAACGCAGCT
>HPV35_Alpha_333050_nt1441_Genome_Tile|1
ATGTTGGCTAAATTTAAAGAACTATTTGGTATTAGTTTTACAGAACTTATTAGACCATTT
>HPV35_Alpha_333050_nt1461_Genome_Tile|1
ACTATTTGGTATTAGTTTTACAGAACTTATTAGACCATTTAAGAGTGATAAATCCACATG
>HPV35_Alpha_333050_nt1521_Genome_Tile|1
TACAGATTGGTGTGTGGCCGATTTGGAATAGCCCCAAGTGTGGCGAACTTTAAACATAT
>HPV35_Alpha_333050_nt1581_Genome_Tile|1
AACATATGTATACATATACAATGTTTATCGTGTTTCATGGGGCTATGGTAATTCTAGCATT
>HPV35_Alpha_333050_nt1601_Genome_Tile|1

ATGTTTATCGTGTTTCATGGGGCTATGGTAATTCTAGCATTATTACGATTTAAAGTCGAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt1621_Genome_Tile|1
GCTATGGTAATTCTAGCATTATTACGATTTAAAGTCGAAAAACGAGAACAACAATTGAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt1641_Genome_Tile|1
ATTACGATTTAAAGTCGAAAAACGAGAACAACAATTGAAAACCTATTGATGCTAAATTGCT
>HPV35_Alpha_333050_nt1661_Genome_Tile|1
AACGAGAACAACAATTGAAAACCTATTGATGCTAAATTGCTATGTATTTTCAGCTGCAAGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt1681_Genome_Tile|1
ACTATTGATGCTAAATTGCTATGTATTTTCAGCTGCAAGTATGCTAATACAACCACCAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt2161_Genome_Tile|1
GATTTTGTGGCATTTTTATCTGCACTAAAAAATTTTTTACATGGTGTGCCTAAAAAAAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt2181_Genome_Tile|1
TGCCTAAAAAATTTTTTACATGGTGTGCCTAAAAAATTTGCATACTAATATATGGAGC
>HPV35_Alpha_333050_nt2241_Genome_Tile|1
ACCAAACACAGGTAAATCATTATTTGGAATGAGTCTAATGCATTTCTTACAAGGAGCTAT
>HPV35_Alpha_333050_nt2421_Genome_Tile|1
CACTAGATGGAAATCCTATATTTTCATTTAGATGTAAAGCATTAAGCATAGTGCATATAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt2481_Genome_Tile|1
GCCCACCTTTACTTATTACATCAATATAAATGCAGGCAGGCAAGATGACAGGTGGCCATACTT
>HPV35_Alpha_333050_nt2761_Genome_Tile|1
TAGCACATGTTTGTCTGATCACATACAGTATTGGAAACTGATTCGTCTTGAATGTGCAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt2921_Genome_Tile|1
CAATTAATGTTAGAGACATTAAATACAACCTGAGTATAGCACAGAGGACTGGACACTGCAA
>HPV35_Alpha_333050_nt2961_Genome_Tile|1
CAGAGGACTGGACACTGCAAGAAACAAGTATTGAACTATATACAACAGTTCCCTACAAGAT
>HPV35_Alpha_333050_nt2981_Genome_Tile|1
GAAACAAGTATTGAACTATATACAACAGTTCCTACAAGATGTTTAAAAAAGATGTTTAT
>HPV35_Alpha_333050_nt3001_Genome_Tile|1
TACAACAGTTCCTACAAGATGTTTAAAAAAGATGTTTATACTGTGGAAGCACAATTTGA
>HPV35_Alpha_333050_nt3021_Genome_Tile|1
GTTTAAAAAAGATGTTTATACTGTGGAAGCACAATTTGATGGTGATAAACAAAATACTA
>HPV35_Alpha_333050_nt3041_Genome_Tile|1
ACTGTGGAAGCACAATTTGATGGTGATAAACAAAATACTATGCATTATACTAATTGGACA
>HPV35_Alpha_333050_nt3061_Genome_Tile|1
TGGTGATAAACAAAATACTATGCATTATACTAATTGGACACATATATATATATATTAGAGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt3081_Genome_Tile|1
TGCATTATACTAATTGGACACATATATATATATATTAGAGGACAGTATATGTACTGTTGTAA
>HPV35_Alpha_333050_nt3101_Genome_Tile|1
CATATATATATATTAGAGGACAGTATATGTACTGTTGTAAAGGGACTGGTAAATTATAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt3121_Genome_Tile|1
CAGTATATGTACTGTTGTAAAGGGACTGGTAAATTATAAAGGTATTTATTATGTGCATCA
>HPV35_Alpha_333050_nt3141_Genome_Tile|1
AGGGACTGGTAAATTATAAAGGTATTTATTATGTGCATCAGGGGTAGAAACATATTATG
>HPV35_Alpha_333050_nt3161_Genome_Tile|1
GGTATTTATTATGTGCATCAGGGGTGTAGAAACATATTATGTTACTTTTAGGGAAGAGGCT
>HPV35_Alpha_333050_nt3301_Genome_Tile|1
CACAGAACTATCCACTGCTGAAATTGCTACACAGCTACACGCCTACAACACCACCGAGAC
>HPV35_Alpha_333050_nt3321_Genome_Tile|1
AAATTGCTACACAGCTACACGCCTACAACACCACCGAGACCCATACCAAAGCCTGCTCCG
>HPV35_Alpha_333050_nt3401_Genome_Tile|1
AAGACAAATCACAAACGACTTCGAGGGGGTACCGAGCTCCCTACAACCCACCAAGCGA
>HPV35_Alpha_333050_nt3421_Genome_Tile|1
TCGAGGGGGTACCGAGCTCCCTACAACCCACCAAGCGAGTGCGACTCAGTGCCGTGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt3441_Genome_Tile|1
CCTACAACCCACCAAGCGAGTGCGACTCAGTGCCGTGGACAGTGTGACAGAGGGGTCT

>HPV35_Alpha_333050_nt3481_Genome_Tile|1
CAGTGTGACAGAGGGGTCTACTCTACATCTGACTGCACAAACAAAGACCGGTGTGGTAG
>HPV35_Alpha_333050_nt3501_Genome_Tile|1
ACTCTACATCTGACTGCACAAACAAAGACCGGTGTGGTAGTTGTAGTACAACCTACACCTA
>HPV35_Alpha_333050_nt3581_Genome_Tile|1
GCAAATACATTAAAGTGTTCAAGATATAGATTGGGTAAATATAAAGCATTGTATCAAGAT
>HPV35_Alpha_333050_nt3621_Genome_Tile|1
ATAAAGCATTTGTATCAAGATGCTTCATCTACATGGAGATGGACATGTACAAACGATAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt3661_Genome_Tile|1
GACATGTACAAACGATAAAAAACAAATAGCAATTGTAACATTAACCTTACACAACAGAATA
>HPV35_Alpha_333050_nt3681_Genome_Tile|1
AACAAATAGCAATTGTAACATTAACCTTACACAACAGAATATCAAAGGGATAAATTTTTTAA
>HPV35_Alpha_333050_nt3701_Genome_Tile|1
TTAACTTACACAACAGAATATCAAAGGGATAAATTTTTTAACTACAGTAAAAATACCTAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt3761_Genome_Tile|1
ACAGTTACAGTGTCTAAAGGATATATGTCTATATGATAGACCTTACAGCTTCCAGTACTG
>HPV35_Alpha_333050_nt3781_Genome_Tile|1
ATATATGTCTATATGATAGACCTTACAGCTTCCAGTACTGTGTTGCTGTGCTTTTTGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt3861_Genome_Tile|1
CTTGTGTCTGCTTGTACGTTTCGCTATTGCTATCTGTGTCAATTATACTCAGCATTAATATT
>HPV35_Alpha_333050_nt3921_Genome_Tile|1
ACTGGTTTTAATACTGTGGGTTACTGTAGCAACACCACTACTTGCTTTTGTGTTTCTTG
>HPV35_Alpha_333050_nt3941_Genome_Tile|1
TTACTGTAGCAACACCACTACTTGCTTTTGTGTTTCTTGCTTTTGTATATACCTATGGA
>HPV35_Alpha_333050_nt3961_Genome_Tile|1
CTTGCTTTTGTGTTTCTTGCTTTTGTATATACCTATGGATGATTAACGCTCATGCACAA
>HPV35_Alpha_333050_nt3981_Genome_Tile|1
CTTTTGTATATACCTATGGATGATTAACGCTCATGCACAATATTTGGCAGTACAGTAATT
>HPV35_Alpha_333050_nt4021_Genome_Tile|1
TATTTGGCAGTACAGTAATTGTATACAAACATTGTGTTTGGTACTGTGTAACATGTGTGT
>HPV35_Alpha_333050_nt4041_Genome_Tile|1
GTATACAAACATTGTGTTTGGTACTGTGTAACATGTGTGTATGGTGGTTTTATTTTTTGT
>HPV35_Alpha_333050_nt4101_Genome_Tile|1
TGTTTCATTGTATATTTTTGTTTTTTTACTGTTTTTAAACATTTTTTATTTCTGTGTTTTTAA
>HPV35_Alpha_333050_nt4121_Genome_Tile|1
TTTTTACTGTTTTTAAACATTTTTTATTTCTGTGTTTTTAAATAAATTGATCACATGGTATA
>HPV35_Alpha_333050_nt4141_Genome_Tile|1
TTTTTATTTCTGTGTTTTTAAATAAATTGATCACATGGTATAACCATGCGACACAAAAGGTC
>HPV35_Alpha_333050_nt4541_Genome_Tile|1
GAGTCTGGTGCCCTGTTGTACACCAAGGGTCCCACCTACAACAGGTTTTACAATAACC
>HPV35_Alpha_333050_nt4561_Genome_Tile|1
TACACCAAGGGTCCCACCTACAACAGGTTTTACAATAACCACATCTACAGATACCACACC
>HPV35_Alpha_333050_nt4601_Genome_Tile|1
ACATCTACAGATACCACACCTGCTATTTTAGATGTGACATCCATAAGTACACATGATAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt4761_Genome_Tile|1
AAGAAATCCCTATGGATACTTTTATTGTTTCCACAGACAGCAATAATAACTAATAGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt4941_Genome_Tile|1
ATCCTGCATATGAAGGCCTTAACCCGTGATACAACCTTACAATTTGAGCATGAGGATATTA
>HPV35_Alpha_333050_nt4961_Genome_Tile|1
AACCCTGATACAACCTTACAATTTGAGCATGAGGATATTAGCTTAGCTCCGGATCCTGAC
>HPV35_Alpha_333050_nt5061_Genome_Tile|1
CTAGGAAAGGCCTATTAGATATAGTAGAGTAGGTAATAAACGTACTATGCATACACGAA
>HPV35_Alpha_333050_nt5081_Genome_Tile|1
TATAGTAGAGTAGGTAATAAACGTACTATGCATACACGAAGTGGAAAAAGCTATAGGGGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt5141_Genome_Tile|1

CGGGTACATTATTATCAGGATTTAAGTAGTATTACTGAAGATATAGAATTACAACCCTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5161_Genome_Tile|1
TTTAAGTAGTATTACTGAAGATATAGAATTACAACCCTTACAACATGTACCATCCTCTTT
>HPV35_Alpha_333050_nt5181_Genome_Tile|1
ATATAGAATTACAACCCTTACAACATGTACCATCCTCTTTACCACATACCACTGTTTCAA
>HPV35_Alpha_333050_nt5201_Genome_Tile|1
CAACATGTACCATCCTCTTTACCACATACCACTGTTTCAACATCATTAATGATGGTATG
>HPV35_Alpha_333050_nt5221_Genome_Tile|1
ACCACATACCACTGTTTCAACATCATTAATGATGGTATGTTTGATATTTATGCTCCTAT
>HPV35_Alpha_333050_nt5241_Genome_Tile|1
CATCATTAATGATGGTATGTTTGATATTTATGCTCCTATAGATACTGAGGAAGATATTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5261_Genome_Tile|1
TTTGATATTTATGCTCCTATAGATACTGAGGAAGATATTATATTTTCAGCATCTTCTAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt5281_Genome_Tile|1
AGATACTGAGGAAGATATTATATTTTCAGCATCTTCTAACAATACTTTATATACTACATC
>HPV35_Alpha_333050_nt5301_Genome_Tile|1
TATTTTCAGCATCTTCTAACAATACTTTATATACTACATCTAACACTGCATATGTTCCCTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5321_Genome_Tile|1
AATACTTTATATACTACATCTAACACTGCATATGTTCCCTAGCAATACTACTATACCATTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5381_Genome_Tile|1
AGTAGTGGCTATGATATTCCTATAACAGCAGGGCCAGACATTGTATTTAACTCTAATACT
>HPV35_Alpha_333050_nt5421_Genome_Tile|1
TTGTATTTAACTCTAATACTATTACTAACTCTGTACTACCGGTACCCACAGGTCCTATAT
>HPV35_Alpha_333050_nt5461_Genome_Tile|1
GGTACCCACAGGTCCTATATATTCTATTATTGCAGATGGGGGTGACTTTTATTTACACCC
>HPV35_Alpha_333050_nt5701_Genome_Tile|1
TAGCTGTGGGTCACCCATACTATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAAATAGCAGTAC
>HPV35_Alpha_333050_nt5721_Genome_Tile|1
TATGCTATTAAAAACAAGATTCTAATAAAAATAGCAGTACCCAAGGTATCTGGTTTGCAA
>HPV35_Alpha_333050_nt5961_Genome_Tile|1
GAAAATCTTAATAAATATGTTGGTAACCTCTGGTAACCTCTGGTACAGATAACAGGGAATGC
>HPV35_Alpha_333050_nt6101_Genome_Tile|1
ACCTTGTAATGCTAACCAGGTAAAAGCAGGAGAATGTCCTCCTTTGGAGTTACTAAACAC
>HPV35_Alpha_333050_nt6201_Genome_Tile|1
GCAATGGATTTTACTACATTACAAGCTAATAAAAAGTGATGTTCCCCTAGATATATGCAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt6381_Genome_Tile|1
GTAGGTGAAACAGTACCTGCAGACCTATATATTAAGGGTACCACTGGCACATTGCCTAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt6401_Genome_Tile|1
AGACCTATATATTAAGGGTACCACTGGCACATTGCCTAGTACTAGTTATTTTCCCTACTCC
>HPV35_Alpha_333050_nt6581_Genome_Tile|1
TACAACCCGTAGTACAAATATGTCTGTGTGTTCTGCTGTGTCTTCTAGTGACAGTACATA
>HPV35_Alpha_333050_nt6821_Genome_Tile|1
GGACACATATCGCTATGTAACATCACAGGCTGTAACCTGTCAAAAACCCAGTGCACCAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6841_Genome_Tile|1
CATCACAGGCTGTAACCTGTCAAAAACCCAGTGCACCAAAACCTAAAGATGATCCATTAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6961_Genome_Tile|1
TTCCGTTGGGCCGTAAATTTTGTTACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGAT
>HPV35_Alpha_333050_nt6981_Genome_Tile|1
TTGTTACAAGCAGGACTAAAGGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCA
>HPV35_Alpha_333050_nt7001_Genome_Tile|1
GGCCAGGCCTAATTTTAGATTAGGCAGGCGTGCAGCTCCAGCATCTACATCTAAAAAATC
>HPV35_Alpha_333050_nt7141_Genome_Tile|1
GTATATATATATTATGTGTTGTGGTGCCTGTTTGTGTTGTACATGGCGTGTAATGTGTGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt7201_Genome_Tile|1
TAATATTGTGCAATGTGTTGTACGTGGGTGTTTTTGTACTTAGTGTGTAGTAGTTCAGTA

>HPV35_Alpha_333050_nt7221_Genome_Tile|1
TACGTGGGTGTTTTTGTACTTAGTGTGTAGTAGTTCAGTAGCCATAAAGTGATGTGTGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt7241_Genome_Tile|1
TAGTGTGTAGTAGTTCAGTAGCCATAAAGTGATGTGTGTGTTTATAATTAACACTGTATT
>HPV35_Alpha_333050_nt7281_Genome_Tile|1
TTTATAATTAACACTGTATTGTTGTATGACTATGGTGCACCGATATGAGCTTACATAATT
>HPV35_Alpha_333050_nt7301_Genome_Tile|1
GTTGTATGACTATGGTGCACCGATATGAGCTTACATAATTACATGACAGCTATATTGTGT
>HPV35_Alpha_333050_nt7481_Genome_Tile|1
CACTTAATCCTTGTGTTCTGATATATATTGTTTGCCAACTTTATATTGGCTTTTGCCAA
>HPV35_Alpha_333050_nt7501_Genome_Tile|1
GATATATATTGTTTGCCAACTTTATATTGGCTTTTGCCAACTTTAAACTTGATTCATCT
>HPV35_Alpha_333050_nt7561_Genome_Tile|1
TGCAGTATTAGTCATTTTTTCATACTTGTGGTCCACCCACACTTGTAACACTTGTAACAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt7641_Genome_Tile|1
TGCATTTCTAAAGGGCTTTAATTGCACACCTTGGCTTTACATATTATGTGTGTTTGCCAA
>HPV35_Alpha_333050_nt7681_Genome_Tile|1
ATATTATGTGTGTTTGCCAAACACCACCTACACATCCTGCCAACTTTAAGTTAAAACATG
>HPV35_Alpha_333050_nt7721_Genome_Tile|1
CAACTTTAAGTTAAAACATGCATGTAAAACATTACTCACTGTATTACACATTGTTATATG
>HPV35_Alpha_333050_nt7741_Genome_Tile|1
CATGTAAAACATTACTCACTGTATTACACATTGTTATATGCACACAGGTGTGTCCAACCG
>HPV35_Alpha_333050_nt7761_Genome_Tile|1
GTATTACACATTGTTATATGCACACAGGTGTGTCCAACCGATTTGGATTACAGTTTTATA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt1361_Genome_Tile|1
TTAAGGACCTAGTAAGACAGTTCAAAAAGTGATAGGTCCACATGTGCAGAGTGGGTAGTAG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt1541_Genome_Tile|1
TACGGTTTAAAGTGTAACAAAAGCAGAGAAACCGTAGCAAAGTGCCTAGGAACCATACTAA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt2401_Genome_Tile|1
ACAAATGTAAATATTGCAGCAGATGACACCTTTAAATATCTTAGAAGTCGAATGGTCGTC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt2421_Genome_Tile|1
AGATGACACCTTTAAATATCTTAGAAGTCGAATGGTCGTCTTTCCGTTTCTACAAAAGTG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3681_Genome_Tile|1
ATATACCTAAAGGAATTGTGGTAACACAAGGCATTATGTCAATGTGCATATAATAGTAGT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3701_Genome_Tile|1
GTAACACAAGGCATTATGTCAATGTGCATATAATAGTAGTTGTTTGTAACATTATATCC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3721_Genome_Tile|1
AATGTGCATATAATAGTAGTTGTTTGTAACATTATATCCTGTATGTGAGCCAATTGTAG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3761_Genome_Tile|1
TGTATGTGAGCCAATTGTAGCAATTGTGTGTATTACATACCTGGTATATACTGCATCCTG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4081_Genome_Tile|1
GGGTGGATATGATATTGTGTTGTTTGACCGTGGGGATATGAGCATATTGGTTTTGTTATT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4101_Genome_Tile|1
TGTTTGACCGTGGGGATATGAGCATATTGGTTTTGTTATTACTATTGATTGCTATTATTT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4121_Genome_Tile|1
AGCATATTGGTTTTGTTATTACTATTGATTGCTATTATTTTGCTGTTGTTATTCATACGC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4141_Genome_Tile|1
ACTATTGATTGCTATTATTTTGCTGTTGTTATTCATACGCATGTTACATGTGTAGGTGTG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4161_Genome_Tile|1
TGCTGTTGTTATTCATACGCATGTTACATGTAGGTGTGTATAGTTTTGTATTTTGTT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4761_Genome_Tile|1
GTGACATTACTGGACATGTATTGTCTAGTACTGCCACCTCAGGGACCCACACATATGAAG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5241_Genome_Tile|1
AGGATATTGAACTGCAGCCGTTGGGTGCTACCACATCCTCTGGCCAGGCCTCTGGCCAGG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5281_Genome_Tile|1

TGGCCAGGCCTCTGGCCAGGATACCTTATATGACATTTATGCAGATGATACACACCTATC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5301_Genome_Tile|1
ATACCTTATATGACATTTATGCAGATGATACACACCTATCCTCTATATTACAGGAGCCTT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5321_Genome_Tile|1
GCAGATGATACACACCTATCCTCTATATTACAGGAGCCTTCCGTTCCCTCATTCGATTCC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5341_Genome_Tile|1
CTCTATATTACAGGAGCCTTCCGTTCCCTCATTCGATTCCACCACGCCTGTATCCTCTGC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5361_Genome_Tile|1
CCGTTCCCTCATTCGATTCCACCACGCCTGTATCCTCTGCTACAGTGTCGCCACATCTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5401_Genome_Tile|1
TACAGTGTCGCCACATCTATGGTATCTTCCACATATGATAATGTTACTGTTCCCTTATC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5421_Genome_Tile|1
TGGTATCTTCCACATATGATAATGTTACTGTTCCCTTATCATCTGCAACCGAGGTTCCCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5441_Genome_Tile|1
AATGTTACTGTTCCCTTATCATCTGCAACCGAGGTTCCCTTATATACTGGTCCTGATATT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7161_Genome_Tile|1
ACTAAAAAATAGTGTGTGTGTGCTGTACTGTCTTGTGTGTATGTGTGTCTGTATTGTGTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7181_Genome_Tile|1
TGCTGTACTGTCTTGTGTGTGTGTGTCTGTATTGTGTACTGTTGTTGGTTGCACTGTG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7241_Genome_Tile|1
TTGTGTATATGTGTATATGTATGTGTTTTTTGTATGTGTGTGTGTAATGTCCTTTAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7281_Genome_Tile|1
TGTTGTGTAATGTCCTTTATGTGCCCTGTATTGTTGTGCTTTTGTCTTGTGTGTATTT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7301_Genome_Tile|1
GTGCCCCGTGATTGTTGTGCTTTTGTCTTGTGTGTTGTTGGTGTGTATGTTTATGG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7461_Genome_Tile|1
CTCGGCTACATATCCACCATTTCTGCAGTTATTTTGTACCCGTACTCCATTTTGTATGC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7781_Genome_Tile|1
TTGTACTGCCAAGTTTCTGTCTCTATAAACCTTTAAACAACCTTATGTAACCAACACAACCTC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7821_Genome_Tile|1
TTATGTAACCAACACAACCTCGGTGCTGTATTATTCATAGTTCCTTCTTTATACTTAACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt0261_Genome_Tile|1
CCTGTTTCGAGGCGGCTATCCATATGCAGCCTGCGCGTGCTGCCTAGAATTTTCATGGAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt0281_Genome_Tile|1
CATATGCAGCCTGCGCGTGCTGCCTAGAATTTTCATGGAAAAATTAACCAATATAGACACT
>HPV6_Alpha_6002612_nt0341_Genome_Tile|1
TTGATTATGCTGGATATGCAACAACCTGTTGAAGAAGAACTAAACAAGACATTTTAGACG
>HPV6_Alpha_6002612_nt0361_Genome_Tile|1
ACAACCTGTTGAAGAAGAACTAAACAAGACATTTTAGACGTGCTAATTCGGTGCTACCTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt0441_Genome_Tile|1
AGTAGAAAAAGGTAAACATATACTAAACCAAGGCACGGTTCATAAAGCTAAATTTGTACGTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt0741_Genome_Tile|1
TGTAACAGAAACAGACATCAGAGAAGTGCAACAGCTTCTGTTGGGAACACTAAACATAGTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt2081_Genome_Tile|1
GAAATGAGGAAGATGTCTATAAAACAATGGATAAAACATAGGGGTTCTAAAATAGAAGGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt2521_Genome_Tile|1
GCTAGTAACATCCAACATAGATATTACCAAAGAAGAGAAATATAAGTATTTACATACTAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt2961_Genome_Tile|1
GAATCATTATTAAAGACTGAGTATAGTATGGAACCGTGGACATTACAAGAAACAAGTTAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt3041_Genome_Tile|1
TAAACGCTGTTTTAAAAAACGGGGCAAACTGTAGAAGTTAAATTTGATGGCTGTGCAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3061_Genome_Tile|1
GGGGCAAAACTGTAGAAGTTAAATTTGATGGCTGTGCAACAATACAATGGATTATGTGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt3121_Genome_Tile|1
TATGGACAGATGTGTATGTGCAGGACACTGACTCCTGGGTAAAGGTGCATAGTATGGTAG

>HPV6_Alpha_6002612_nt3481_Genome_Tile|1
TGGCCACATTGGACCCGTGGACAGTGGAAACCACAACGTCATCACTAACAATCACGACC
>HPV6_Alpha_6002612_nt3741_Genome_Tile|1
GAGGAACAAAGGCAACAGTTTTTTAAATGTTGTAAAAATACCCCCTACTATTAGACACAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3761_Genome_Tile|1
TTTAAATGTTGTAAAAATACCCCCTACTATTAGACACAACTGGGGTTTATGTCAATGCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3781_Genome_Tile|1
CCCCTACTATTAGACACAACTGGGGTTTATGTCAATGCACCTATTGTAATTTGTATATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3841_Genome_Tile|1
TGTAATGTGTAAATATATGGTATTGGTGTAAATACAACGTGTACATGTATGGAAGTGGTAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt3861_Genome_Tile|1
GTATTGGTGTAAATACAACGTGTACATGTATGGAAGTGGTACCTGTACAAATAGCTGCAGGA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3881_Genome_Tile|1
TACATGTATGGAAGTGGTACCTGTACAAATAGCTGCAGGAACAACCAGCACATTAATACT
>HPV6_Alpha_6002612_nt3961_Genome_Tile|1
TTGTATGTTTTGTTAGCATCATACTTATTGTATGGATATCTGACTTTATTGTGTACACAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt3981_Genome_Tile|1
ATACTTATTGTATGGATATCTGACTTTATTGTGTACACATCTGTGCTAGTACTAACACTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt4001_Genome_Tile|1
TGACTTTATTGTGTACACATCTGTGCTAGTACTAACACTGCTTTTATACTTACTATTGTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt4061_Genome_Tile|1
GCTGCTATTAACAACCCCCTTGCAATTTTTCTACTAACTTTACTTGTGTGTTACTGTCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt4081_Genome_Tile|1
TGCAATTTTTCTACTAACTTTACTTGTGTGTTACTGTCCCGCTTGTTATATACACCACT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4101_Genome_Tile|1
TTACTTGTGTGTTACTGTCCCGCTTGTTATATACACCACTACATTGTGAACACACAGCAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4121_Genome_Tile|1
CGCTTGTTATATACACCACTACATTGTGAACACACAGCAATGATGCTAACATGTCAATTT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4141_Genome_Tile|1
ACATTGTGAACACACAGCAATGATGCTAACATGTCAATTTAATGATGGAGATACCTGGCT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4201_Genome_Tile|1
GGGTTTGTGGTTGTTATGTGCCTTTATTGTAGGGGTGTTGGGGTTATTATTAATGCACTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4221_Genome_Tile|1
CCTTTATTGTAGGGGTGTTGGGGTTATTATTAATGCACTATAGAGCTGTACAAGGCGATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4261_Genome_Tile|1
TAGAGCTGTACAAGGCGATAAACACACCAAATGTAACAAGTGTAAACAAACACAACGTGTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4301_Genome_Tile|1
TGTAACAAACACAACGTGAATGATGATTATGTAACATATGCATTATGATACTGCTGGTGAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4361_Genome_Tile|1
TATATATATATGAATTAGAGTAAAACTTTTTTTATATTTGTAACAGTGTATGCTTTGTAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4621_Genome_Tile|1
GGGTGCTACTGGCTATGTTCCCTTAGGAACCTCTGCAAAACCTTCTATTACTAGTGGGCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt4741_Genome_Tile|1
TTTAATTGAAGAATCGGCAATCATTAACGCAGGGGCGCCTGAAATTGTGCCCCCTGCACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4761_Genome_Tile|1
TCATTAACGCAGGGGCGCCTGAAATTGTGCCCCCTGCACACGGTGGGTTACAATTACAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4801_Genome_Tile|1
CGGTGGGTTTACAATTACATCCTCTGAAACAACTACCCCTGCAATATTGGATGTATCAGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4821_Genome_Tile|1
CCTCTGAAACAACCTACCCCTGCAATATTGGATGTATCAGTTACTAGTCATACTACTACTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4841_Genome_Tile|1
GCAATATTGGATGTATCAGTTACTAGTCATACTACTACTAGTATATTTAGAAATCCTGTC
>HPV6_Alpha_6002612_nt4941_Genome_Tile|1
AGGCTAATGGACATATATTAATTTCTGCACCCACTATAACGTCACACCCCTATAGAGGAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4981_Genome_Tile|1

GTCACACCCCTATAGAGGAAATTCCTTTAGATACTTTTGTGATATCCTCTAGTGATAGCGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt5341_Genome_Tile|1
CACTCGCAGCGGAAAGCACATAGGGGCCCGCATTTCATTATTTTATGATATTTACCTAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt5481_Genome_Tile|1
TTGAACCTGACATTAACCCTACCCAACACCCTGTTACAAATATATCAGATACATATTTAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt5521_Genome_Tile|1
TATATCAGATACATATTTAACTTCCACACCTAATACAGTTACACAACCGTGGGGTAACAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6121_Genome_Tile|1
GTGTGGGTGTAAGTGGACATCCTTTTCTAAATAAATATGATGATGTTGAAAATTCAGGGA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6141_Genome_Tile|1
CCTTTTCTAAATAAATATGATGATGTTGAAAATTCAGGGAGTGGTGGTAACCCTGGACAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6581_Genome_Tile|1
GGAACCTGTGCCTGATACTCTTATAATTAAGGGTAGTGGAATCGAACGTCTGTAGGGAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6601_Genome_Tile|1
TTATAATTAAGGGTAGTGGAATCGAACGTCTGTAGGGAGTAGTATATATGTTAACACCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6801_Genome_Tile|1
ATGACATTATGTGCATCCGTAACCTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6821_Genome_Tile|1
AACTACATCTTCCACATACACCAATTCTGATTATAAAGAGTACATGCGTCATGTGGAAGA
>HPV6_Alpha_6002612_nt7281_Genome_Tile|1
ACCAAAAGGTAATATATGTGTATATGTACTGTTATATATATATGTGTGTATGTACTGTTATG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7481_Genome_Tile|1
GCAATAAAACAATTAACCTACATTATTGTATATCTTGTACACCCTGTGACTCAGTGGCTGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7521_Genome_Tile|1
CCCTGTGACTCAGTGGCTGTTGCACGCGTTTTGGTTTGCACGCGCCTTACACACATAAGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7581_Genome_Tile|1
AATATACATGCACAATATATATATTTTTGTGTTCCAATAATATATTTTTATATTTGCAACC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7661_Genome_Tile|1
TACACTTTCCACCAATTTGTTACAACGTGTTGCCTGTTAATCCTATATATTTTGTGCCAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7761_Genome_Tile|1
ATCCTGCCAACCACACACCTGGCGCCAGGGTGCGGTATTGCCTTACTCATATGTTTTATTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7781_Genome_Tile|1
GGCGCCAGGGTGCGGTATTGCCTTACTCATATGTTTATTGCCACTGCAATAAACCTGTCT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7801_Genome_Tile|1
CCTTACTCATATGTTTATTGCCACTGCAATAAACCTGTCTTTGTGTTATACTTTTATGCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt7821_Genome_Tile|1
CCACTGCAATAAACCTGTCTTTGTGTTATACTTTTATGCACTGTAGCCAACCTCTTAAAG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7881_Genome_Tile|1
CATTTTTGGCTTGTTAGCAGCACATTTTTTTGCTCTTACTGTTTGGTATACAATAACATAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt1681_Genome_Tile|1
AGAACAGCTATGGGGAATGCCTCAGAAAGTACTTGGGGAGACCCAGAGTGGATTGTGCGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt1701_Genome_Tile|1
CTCAGAAGTACTTGGGGAGACCCAGAGTGGATTGTGCGACAAACAGTAGTAGGACATGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3021_Genome_Tile|1
ACATATATGTATATACGGAGGAAACAAGGACATGGCACAAAGTGTGCGGGGGTGTGGATT
>HPV83_Alpha_5059324_nt3041_Genome_Tile|1
GAAACAAGGACATGGCACAAAGTGTGCGGGGGTGTGGATTACGCGGGACTGTATTATGAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3401_Genome_Tile|1
TCAACCCAGACAGAGACCAAAAGCAGTGGACAGTGGTGCCTACGGACACAGCAGTGAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3441_Genome_Tile|1
CCTACGGACACAGCAGTGACAGTGTCTGCACAAACGCCACAAAGGGACACAGTGAACCGTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt3641_Genome_Tile|1
GCAGCATTTGTAACCTTATGCTATGCAAGTATAGAGCAACGGGAGCTATTTCTAACCAGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3661_Genome_Tile|1
CTATGCAAGTATAGAGCAACGGGAGCTATTTCTAACCAGGGTTACAATTCCAAAGGGTAT

>HPV83_Alpha_5059324_nt3681_Genome_Tile|1
GGGAGCTATTTCTAACCAGGGTTACAATTCCAAAGGGTATAAAGGCAATGCAAGGATATA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3721_Genome_Tile|1
AAAGGCAATGCAAGGATATATGTCTATGTGCTTTTAACTGTACATATGTATATATATATA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3741_Genome_Tile|1
TGTCTATGTGCTTTTAACTGTACATATGTATATATATATATATAGTGTGTAATACGGGTATG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3761_Genome_Tile|1
TACATATGTATATATATATATAGTGTGTAATACGGGTATGTAACCAATAGTGTATAAGTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3781_Genome_Tile|1
TAGTGTGTAATACGGGTATGTAACCAATAGTGTATAAGTGTGTTTGCAAATACCTGAGCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3801_Genome_Tile|1
TAACCAATAGTGTATAAGTGTGTTTGCAAATACCTGAGCCACTATACACCACACCATATA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3821_Genome_Tile|1
TGTTTGCAAATACCTGAGCCACTATACACCACACCATATACCAGTACAACCCTGGATTAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3861_Genome_Tile|1
CCAGTACAACCCTGGATTACATATTGTGCTTGATTTGTTTGTGGTGTCAATTTCTTGTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3961_Genome_Tile|1
GGCATTGTGTGTTTATGTGTATATTGTATTTGGGGTTGTTATTGCTATATGTACAAGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt3981_Genome_Tile|1
GTATATTGTATTTGGGGTTGTTATTGCTATATGTACAAGTATTGTGGTGTATAGGGTTTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4101_Genome_Tile|1
GTACAATCACTATGTATCCATTGGAGGCTAGAGGTGGGGGGCAGGCATATGATTTAATTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt4141_Genome_Tile|1
GCAGGCATATGATTTAATTGTTATTGGCCGGGACGAAGTGGGATTACTGCTTATTATTTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4161_Genome_Tile|1
TTATTGGCCGGGACGAAGTGGGATTACTGCTTATTATTTTAATTCTCATCGTAATTATTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4181_Genome_Tile|1
GGATTACTGCTTATTATTTTAATTCTCATCGTAATTATTATTATTTTGTGTACATGCGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt4201_Genome_Tile|1
AATTCTCATCGTAATTATTATTATTTTGTGTACATGCGGCTACTACATATGTAACCACC
>HPV83_Alpha_5059324_nt4221_Genome_Tile|1
TTATTTTGTGTACATGCGGCTACTACATATGTAACCACCTCCCCCTTCTGTATACCACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4261_Genome_Tile|1
TCCCCCTTCTGTATACCACATGTAGGGTATTGTTTTGTACTGTTTGTTTTTTACTTTCTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4321_Genome_Tile|1
ATTGGCAATAAACATAGTTATATATACAATGTCCCATGTGCATAGGCGGCGCAAAGGGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt4421_Genome_Tile|1
ACATGCCCCCTGATATAGTCCCTAAATTTGAAGGTGACACATGGGCCGATAGGTTTTTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4721_Genome_Tile|1
ACACATGGCTTTGAGGTTACTAGTTCCCTCCACTACAACCCCCGAGTATTGGATATAACG
>HPV83_Alpha_5059324_nt4741_Genome_Tile|1
TAGTTCTCCACTACAACCCCCGAGTATTGGATATAACGCCGTCCGCCACGGTACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5321_Genome_Tile|1
CATGATATTAGCCCCATTCGCCCCACGGAGTCCATTGAGCTACAGCCCTTGAACCCTCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5341_Genome_Tile|1
GCCCACGGAGTCCATTGAGCTACAGCCCTTGAACCCTCCGTGGCAAACACCTCCTTATA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5401_Genome_Tile|1
TGACATATATGCAGATGATGTTTTTTGGAGTCCCTCGGTGCCCTGCGGCCATCCCCCTC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5441_Genome_Tile|1
CCCCTGCGGCCATCCCCCTCATCCACCTCTGTGTCCTTGACGTCCACTAATGTTTCTGCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt5461_Genome_Tile|1
ATCCACCTCTGTGTCCTTGACGTCCACTAATGTTTCTGCTACCTCTGCTGTGACTGCACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5561_Genome_Tile|1
GTACCTGCCCTTTCAGGCCCTGACATACACGGTGCTGCTCATATGCCTGCAGACCCTTCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt5581_Genome_Tile|1

TGACATACACGGTGCTGCTCATATGCCTGCAGACCCTTCTGTTCCCTGTGCCATCTAATAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt5601_Genome_Tile|1
ATATGCCTGCAGACCCTTCTGTTCCCTGTGCCATCTAATATTCCTATTCAGTCTGTGTTTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5641_Genome_Tile|1
TCCTATTCAGTCTGTGTTTATAGACGGTACTGACTATTATTTATTGCCTAACTACATTTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6161_Genome_Tile|1
CACAGATAGGCGTGACAATGTCTCAGTGGATTACAAACAAACGCAGCTTATTATCATTGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6541_Genome_Tile|1
TGGGCGAGGTGCTGCCTACCTCTTATTATATTCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6561_Genome_Tile|1
TCTTATTATATTCAGGCACATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6581_Genome_Tile|1
ATCTGCTAATAGTAGGAACACTCTTACCAGCTACATCTATGCTCCTACTCCTAGTGGCTC
>HPV83_Alpha_5059324_nt6841_Genome_Tile|1
ACACAGAGGAATATGACTTACAGGTTATATTGCAACTTTGCAAAATACATCTGACCCCTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt7281_Genome_Tile|1
ATCTGTGTTTGTGCAGTGTTATGCCTATATGCGGTGGTATGCCTTTGTGTTATGTATGTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt7301_Genome_Tile|1
ATGCCTATATGCGGTGGTATGCCTTTGTGTTATGTATGTGGCAGTACCGTTGTATGTGTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7321_Genome_Tile|1
GCCTTTGTGTTATGTATGTGGCAGTACCGTTGTATGTGTTTGTGTATTATATGTTTGTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt7341_Genome_Tile|1
GCAGTACCGTTGTATGTGTTTGTGTATTATATGTTTGTGCATGTATCTGTGTTTTGTCTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt7361_Genome_Tile|1
TGTGTATTATATGTTTGTGCATGTATCTGTGTTTTGTCTGTGTAGTATGTGTATGTATCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7401_Genome_Tile|1
TGTAGTATGTGTATGTATCTGTGTGTTTTGTATGTGTATACATTGTGGAATGTATGTGTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7561_Genome_Tile|1
TGGCACCTATGTCCTGCACCACCCTATAGTTCCCTGACCCGTTAGGTTACTAGTTCCTTTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7681_Genome_Tile|1
TTACACACAATGGTAAGTAATCCCTTATTAACCTCATATCCTGCATACTTCTGTGCCAAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt7761_Genome_Tile|1
TGACAGTTTGTGTTGGCTGCACAATATGATTTTTTGTACAGGCTTATATTGTACTTGTACTTC
>HPV83_Alpha_5059324_nt7881_Genome_Tile|1
TTTTGGACATGTAGACTATTGCAGTAGCCAACCTATGTGTCTATCCAGTAATCCTGCAGTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt0021_Genome_Tile|1
CCCCACCAATATTTTTGTGCTGTGCCAGGAATACGAGGTGGAGTTTCGACGACCTACGATT
>HPV84_Alpha_12958167_nt0441_Genome_Tile|1
ACGTAAAGGATATTATTTTAAACAGATATACCAGATGTAGTTAGTTTATACTGTGACGAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt1321_Genome_Tile|1
GTAAAACTATTAGGAAAATTTAAGGAACCTATTTGGGCTGTCCTTTATGGATCTGGTAAGA
>HPV84_Alpha_12958167_nt1541_Genome_Tile|1
TACTGCGCTTTAAGTGTAAACAAAAGCAGGGAAACAGTAGCGCACTGTATAGGTGGCATT
>HPV84_Alpha_12958167_nt1561_Genome_Tile|1
AAAAGCAGGGAAACAGTAGCGCACTGTATAGGTGGCATTTTAAATGTACCCGAAAAACGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt2361_Genome_Tile|1
TAAAAACCTAGTACAGTTAAATGTCTCCGTTACTAATAACAACAAACATAAATCCAGA
>HPV84_Alpha_12958167_nt2421_Genome_Tile|1
AACTGATGACACATTTAAATACTTACGCAGCCGAATGGTTATTTTCCCTTTTAAACAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt3001_Genome_Tile|1
TGTAAGTGGGGTTTATATATGTACATTGTGCCAGTGAGGACACCTGGTATAAGGTACC
>HPV84_Alpha_12958167_nt3021_Genome_Tile|1
ATGTACATTGTGCCAGTGAGGACACCTGGTATAAGGTACCTGGACAGATTAGCAACAGAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3041_Genome_Tile|1
GACACCTGGTATAAGGTACCTGGACAGATTAGCAACAGAGGGCTGTATTATGAACTGCAA

>HPV84_Alpha_12958167_nt3361_Genome_Tile|1
ACTCGGAGGGGACACAGTTCAGCAGCCCCGACTCTACACAAGGACACCGGCCGGTTGACAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3401_Genome_Tile|1
GGACACCGGCCGGTTGACAGTTGCAGCACAAGGACAAACAATAACTGTGACAGCCCCAAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt3461_Genome_Tile|1
CGGCCACGGGAACACAGTAACTGTGACAGTGCACCTGTCCTACACCTAAAAGGTCAATCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt3521_Genome_Tile|1
AATAGCCTTAAGTGCTTTTCGATATAGGTTACACCAGTCGGTGCCTGACCTGTTTGAAAGG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3621_Genome_Tile|1
ACAAAACATCATATGTAACACTATGGTATAAAAGTACGGACCAACGCAACAGCTCTTGG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3681_Genome_Tile|1
CACGTGTACATATACCAAAAGGCATTGTAGCCACACTTGGTAGTATGTCTATGGTTATGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3721_Genome_Tile|1
TAGTATGTCTATGGTTATGTAAACAGTACCCATTGTATATGTATAGTGTAATGCTGTAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3761_Genome_Tile|1
GTATAGTGTAATGCTGTATTACTGAGCCATTTGTAACAATTGTGTATGTCCTACATACC
>HPV84_Alpha_12958167_nt4041_Genome_Tile|1
ACATATCCCTGTACAGTCCCGGTCCTACCTATTATGTATCCCATGCAATTACGGGGTCCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt4101_Genome_Tile|1
CAGGGTGGGTATGACATAGTGGTGTGGAGCGTGGTGATGTAGGTCTTTTTTACTATTATT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4121_Genome_Tile|1
GGTGTGTTGAGCGTGGTGATGTAGGTCTTTTTTACTATTATTTTGCTTTTAATTGTTATTAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4141_Genome_Tile|1
TAGGTCTTTTTTACTATTATTTTGTCTTTTAATTGTTATTATTTTACTTTGGCTGTGCCACC
>HPV84_Alpha_12958167_nt4161_Genome_Tile|1
TTGCTTTTAATTGTTATTATTTTACTTTGGCTGTGCCACCGTGTATGCAGTTTTTAAAGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4181_Genome_Tile|1
TTTACTTTGGCTGTGCCACCGTGTATGCAGTTTTTAAAGTGCTTTTGTATTTTGTACAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4201_Genome_Tile|1
GTGTTATGCAGTTTTTAAAGTGCTTTTGTATTTTGTACATACTATAATAAACACTTGGTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt4221_Genome_Tile|1
GCTTTTGTATTTTGTACATACTATAATAAACACTTGGTACCATGCCCCAAGGTTCTTAAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt4781_Genome_Tile|1
AGGGGACATTACTGGTCATGTGTGTCTAGTACAGCCACGTCCGGGTCACATACCTACGA
>HPV84_Alpha_12958167_nt4801_Genome_Tile|1
TGTTGTCTAGTACAGCCACGTCCGGGTCACATACCTACGAAGAAATCCCCATGCAAACCT
>HPV84_Alpha_12958167_nt5241_Genome_Tile|1
CTTAGCCCTATACCACATCTTGAGGATATTGAGCTGCAGCCCCTGGTATCATCCTCTGCT
>HPV84_Alpha_12958167_nt5261_Genome_Tile|1
TGAGGATATTGAGCTGCAGCCCCTGGTATCATCCTCTGCTGTGCCTACGGATTCAATTATA
>HPV84_Alpha_12958167_nt5321_Genome_Tile|1
TGATATATATGCAGATGATGCCATTTGTCTCTGTATTGCGTCCCCCTCCGTTTCTGC
>HPV84_Alpha_12958167_nt5401_Genome_Tile|1
TTGCCTCTGCAGACCTTTCTGCCACCTCCATAACCGCCTCCACATATGATAATGTCACTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt5441_Genome_Tile|1
CACATATGATAATGTCACTGTCCCGTTGTTTCTGGCACCGATGTGCCCCGTCTATACAGG
>HPV84_Alpha_12958167_nt5461_Genome_Tile|1
TCCCGTTGTTTCTGGCACCGATGTGCCCGTCTATACAGGCCCTGATATTGACCATTCTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt5481_Genome_Tile|1
GATGTGCCCGTCTATACAGGCCCTGATATTGACCATTCTGCTGCCCTCCGCACCTCCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6701_Genome_Tile|1
CTATTAGTGCTGCTACCAACACCGAATCAGAATATAAACCTACCAATTTTAAGGAATACC
>HPV84_Alpha_12958167_nt7141_Genome_Tile|1
CCCCCTGCCCTCCAAACGGCGTAAGGCCAAAAAGTAATATGTGTCTGTTTGGTGTCT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7161_Genome_Tile|1

TAGAGGCCAAAGTAATGATATGTTGGTTGGTGTCTGTGTTGTTGGTGTCT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7241_Genome_Tile|1
CATTTTGTATGTGTTTTGTACTGTTCTGTATGTGCCCTGTTATGTATAATGTGTATGTAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7261_Genome_Tile|1
CTGTTCTGTATGTGCCCTGTTATGTATAATGTGTATGTATTTATGGAATGCGTGCCCTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt7301_Genome_Tile|1
TTATGGAATGCGTGCCCTGTATGTTGTGTATGTTGTGTACATGTATTTGTGGAATGTGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7421_Genome_Tile|1
TGAGTAAGTGTGCACCATGTACACGCCTGGGTAGGTCTACTGTTTCCTTTAAGGGTATAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7441_Genome_Tile|1
ACACGCCTGGGTAGGTCTACTGTTTCCTTTAAGGGTATAAAGCCTCCATTTTGTATGCAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7581_Genome_Tile|1
TGCGTAGGCAGCTGCAGACGTCCGCACCCAGGTGTGTCTGTCTAGCTATTTCAATATGCTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7621_Genome_Tile|1
TCAGCTATTTCAATATGCTAATAAATGTATTGTCTACAGTTTATAGGTTTACTTACTCAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7801_Genome_Tile|1
GTAACACACCCGTTTCGGTTGCTATGTTATTTCATACTATTTTCTTATACTTTACAACAAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7821_Genome_Tile|1
GCTATGTTATTTCATACTATTTTCTTATACTTTACAACAATGATACAGTAAAAAAATAGGG
>HPV39_Alpha_333245_nt1181_Genome_Tile|1
TAAACGAAAGTATACAGACAGCAGTGGCGACACTAGACCGTATGGAAAAAAGTAGGCA
>HPV39_Alpha_333245_nt1221_Genome_Tile|1
GTATGGAAAAAAGTAGGCAGGAATACCAGGGGAACACTACAGGAAATTTTCATTAAATGT
>HPV39_Alpha_333245_nt1461_Genome_Tile|1
TAGTGAAAACCAGGATCCCAAATCTCCAACGCACAAATTAAATTATTGTTACAATCCAA
>HPV39_Alpha_333245_nt1481_Genome_Tile|1
AATCTCCAACCTGCACAAATTAAATTATTGTTACAATCCAATAACAAAAGGCTGCAATGC
>HPV39_Alpha_333245_nt1501_Genome_Tile|1
AAATTATTGTTACAATCCAATAACAAAAGGCTGCAATGCTAACACAATTTAAAGAAACA
>HPV39_Alpha_333245_nt1681_Genome_Tile|1
ATCAACAAATATGCCTTATATACACATATACAAAGCTTAGACACAAAACAAGGAGTACTA
>HPV39_Alpha_333245_nt3181_Genome_Tile|1
GGACAAATGTAATGCTATGAACTATGTATTATGGGGTGCTATATATTATAAAAAATAATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt3281_Genome_Tile|1
GGTATATATTATATGAACGAGCACCTAAAAGTATACTATGAAGTGTTTATTCAAGATGCG
>HPV39_Alpha_333245_nt3301_Genome_Tile|1
GCACCTAAAAGTATACTATGAAGTGTTTATTCAAGATGCGGAAAGGTATGGGACTAGTGG
>HPV39_Alpha_333245_nt3581_Genome_Tile|1
GGAGTGTCCCTGGACCATCTTAACAACCCACTCCACAGTAACAGTACAGGCCACAACACA
>HPV39_Alpha_333245_nt3781_Genome_Tile|1
GGGTAAGGGAACCAAAAACGCTGGCATATTAAGTGTACATATGCCACAGAGTCACAACG
>HPV39_Alpha_333245_nt3861_Genome_Tile|1
TTAAAATACCTTCTAGTGTACATGTTTCATTGGGTACATGACATTGTAAAGTATACTAT
>HPV39_Alpha_333245_nt3881_Genome_Tile|1
CATGTTTCATTGGGTTACATGACATTGTAAAGTATACTATGGATATTGTGTATGTATATT
>HPV39_Alpha_333245_nt4121_Genome_Tile|1
TATTTTTTGTATTGCCCATGTGGTTGTTGCATAGACTGGCAATGGATATGATATAGTACT
>HPV39_Alpha_333245_nt4181_Genome_Tile|1
GTATATGTATGTGCATTGTGCATAACTACTGTACATAGCTTTTTTATATTTTTTTTTGTTA
>HPV39_Alpha_333245_nt4321_Genome_Tile|1
GGGTACCTGTCCACCAGACGTTGTTGATAAAGTTGAGGGTACTACACTTGCTGACAAAAT
>HPV39_Alpha_333245_nt4681_Genome_Tile|1
ACCCTCCTCTGGGTCTGTACAAATAACCTCTACTAGTTATACTAACCCTGCCTTTACGGA
>HPV39_Alpha_333245_nt4701_Genome_Tile|1
AAATAACCTCTACTAGTTATACTAACCCTGCCTTTACGGATCCTTCCTTAATTGAGGTTT

>HPV39_Alpha_333245_nt5201_Genome_Tile|1
CATTATTACCATGACATTAGTAGTATTGCTCCTGCTGAAAGCATTGAATTACAGCCCCCTA
>HPV39_Alpha_333245_nt5241_Genome_Tile|1
GCATTGAATTACAGCCCCTAGTTCACGCTGAGCCCTCTGATGCTTCAGATGCATTATTTG
>HPV39_Alpha_333245_nt5301_Genome_Tile|1
ATATATATGCTGATGTGGACAATAACACATATTTAGATACTGCATTTAATAATAACAAGGG
>HPV39_Alpha_333245_nt5321_Genome_Tile|1
AATAACACATATTTAGATACTGCATTTAATAATAACAAGGGATTTCGGGCACTACATATAAC
>HPV39_Alpha_333245_nt5341_Genome_Tile|1
TGCATTTAATAATAACAAGGGATTTCGGGCACTACATATAACACAGGCTCACTACCTTCTGT
>HPV39_Alpha_333245_nt5361_Genome_Tile|1
ATTCGGGCACTACATATAACACAGGCTCACTACCTTCTGTGGCTTCTTCAGCATCTACTA
>HPV39_Alpha_333245_nt5381_Genome_Tile|1
ACAGGCTCACTACCTTCTGTGGCTTCTTCAGCATCTACTAAATATGCCAATACAACCTATT
>HPV39_Alpha_333245_nt5481_Genome_Tile|1
CTGATATTGCTTTACCAAGTACTACTCCACAGTTGCCATTGGTGCCTTCTGGACCAATAG
>HPV39_Alpha_333245_nt5501_Genome_Tile|1
ACTACTCCACAGTTGCCATTGGTGCCTTCTGGACCAATAGACACAACATATGCAATAACC
>HPV39_Alpha_333245_nt5521_Genome_Tile|1
GGTGCCTTCTGGACCAATAGACACAACATATGCAATAACCATTTCAGGGTTCCAATTATTA
>HPV39_Alpha_333245_nt6461_Genome_Tile|1
ATTGTATATTAAGGGCACAGATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTGTATACTGCCCCCTC
>HPV39_Alpha_333245_nt6481_Genome_Tile|1
ATATACGTGCAAACCCCGGTAGTTCTGTATACTGCCCCCTCTCCCAGCGGTTCCATGGTAA
>HPV39_Alpha_333245_nt6501_Genome_Tile|1
AGTTCTGTATACTGCCCCCTCTCCCAGCGGTTCCATGGTAACCTCTGATTCCCAGTTATTT
>HPV39_Alpha_333245_nt6621_Genome_Tile|1
CAATTATTTCTTACTGTTGTGGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCT
>HPV39_Alpha_333245_nt6641_Genome_Tile|1
GGACACTACCCGTAGTACCAACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTC
>HPV39_Alpha_333245_nt6661_Genome_Tile|1
ACTTTACATTATCTACCTCTATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCCTTCTAAGT
>HPV39_Alpha_333245_nt6681_Genome_Tile|1
ATAGAGTCTTCCATACCTTCTACATATGATCCTTCTAAGTTTAAGGAATATACCAGGCAC
>HPV39_Alpha_333245_nt6841_Genome_Tile|1
ACAATTGGAATTTTGCTGTAGCTCCTCCACCATCTGCCAGTTTGGTAGACACTTACAGAT
>HPV39_Alpha_333245_nt7061_Genome_Tile|1
GGTCCGCAGGCGCCCTACTATAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACTTCCTCGTC
>HPV39_Alpha_333245_nt7081_Genome_Tile|1
TAGGTCCCCGAAAGCGGCCTGCTGCATCCACTTCCTCGTCTCAGCTACTAAACACAAAC
>HPV39_Alpha_333245_nt7141_Genome_Tile|1
GTAAACGTGTGCTAAATAATGCATGTGTATGCCTTGTTATGTGTGTGTATGTTGTTTGT
>HPV39_Alpha_333245_nt7161_Genome_Tile|1
TGCATGTGTATGCCTTGTTATGTGTGTGTATGTTGTTTGTTCCTTATGTGTTGAGTGTA
>HPV39_Alpha_333245_nt7281_Genome_Tile|1
TTCATGTGTGATTGCACACCCTGTGACTAACAGTGTATTTGTTTTACATATAATAGGTCT
>HPV39_Alpha_333245_nt7381_Genome_Tile|1
GTGTTTACTACCTAATATGTAATTTTTACATTGTTGTATGCGTTTCTACATTTTATACTT
>HPV39_Alpha_333245_nt7721_Genome_Tile|1
ACTACTTTTTGATTTCAGGAATGTGTCTTACAGTATAAGTTATACAAGTGACTAATGTAGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt0061_Genome_Tile|1
GGTGCATATAAAAAGCAAGCACGAAAAATACATAAGAACACCATGTTTGAAGACATAAGAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt0281_Genome_Tile|1
TGCAGCATGCAAAAAATGCCTAATGTTTTATTCTAGAATTAGAGAATACAGAAGGTATAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt0501_Genome_Tile|1

GGACAGTGTGCAAATTGCAGAAAACCAACGACGACGAGTGTGAAACCCAGGTGTAATAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt0941_Genome_Tile|1
AGTTGACAAAAAACGGGAGATAATATATCAGACGATGAGGAGGAAGATACAAATGATAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt0961_Genome_Tile|1
ATAATATATCAGACGATGAGGAGGAAGATACAAATGATACAGGGTCTGATATAATAGATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt0981_Genome_Tile|1
GAGGAAGATACAAATGATACAGGGTCTGATATAATAGATTTTATAGATACAAGTAATAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt1341_Genome_Tile|1
CAACATAGTATGTGTAGTGGCGGGGGAGCAGCGACAGAAGTACAGAGATAGACCTGGAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt1361_Genome_Tile|1
CGGGGGGAGCAGCGACAGAAGTACAGAGATAGACCTGGAAACAAACGAAAAATGCTACCAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt1381_Genome_Tile|1
GTACAGAGATAGACCTGGAAACAAACGAAAAATGCTACCAATGTAGGACTAAACAGTATAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt1401_Genome_Tile|1
ACAAACGAAAAATGCTACCAATGTAGGACTAAACAGTATATGTGCAGTGTTAAATGTAGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt1641_Genome_Tile|1
TACCATATACAATGCCTATCATGTGATTGGGGTACTATTGTGCTACTGTTAGCTAGATTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt1661_Genome_Tile|1
ATGTGATTGGGGTACTATTGTGCTACTGTTAGCTAGATTTAGCTATGTGCCAAAAACAGACT
>HPV82_Alpha_6970427_nt1681_Genome_Tile|1
TGCTACTGTTAGCTAGATTTACATGTGCCAAAAACAGACTTACCATTGCCAAATGTTTAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt2181_Genome_Tile|1
ATAGCTAAATTTTTCGATACACAGGGTATTAACCTTTATGTATTTTATACAAACATTTAAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt2421_Genome_Tile|1
GATGATGCCACATATGGCTGTTGGACATATATAGACCAGTACCTAAGAAATTTCTCTAAAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt2521_Genome_Tile|1
TGCAAATTGTATGCCACCATTGCTTATTACCTCAAATATCAATCCAAAAAGAAGATCCAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt2861_Genome_Tile|1
AATGTGCTATGTTTTATACTGCACGAGAAAGAAACATGCAAACCTTAACCATCAAGTAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt2881_Genome_Tile|1
GCACGAGAAAGAAACATGCAAACCTTAACCATCAAGTAGTACCAGCATCGGCAGTATCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt3181_Genome_Tile|1
GTAAAAACACAGGGAACGTGGACTATACAGGTATTTATTACAAACCAGATGTAAACAAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt3201_Genome_Tile|1
GGACTATACAGGTATTTATTACAAACCAGATGTAAACAAAGAATATTATGTAACATTTAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt3221_Genome_Tile|1
ACAAACCAGATGTAAACAAAGAATATTATGTAACATTTAAAGATGAAGCAAAAAAATATG
>HPV82_Alpha_6970427_nt3401_Genome_Tile|1
CCACGACCAATACCTATTCGCTCCGCGGGCACCACAGAAGCCCAGACACCACAACAAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt3721_Genome_Tile|1
ATTGTTACAATTACATTTGACAGTGCACACCAACGTCAAAGTTTATTGATACTGTTAAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt3861_Genome_Tile|1
ATATGTGCTGCTAAGTGTATATAGTTACTCGCAACCATTGCGGTGTTTTTGGTGTGTTTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt4041_Genome_Tile|1
TCACCTTTAACTACATTTACTGTATACTTGATTTGTTTTTATATTCCATGCTTTTTATTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt4061_Genome_Tile|1
TGTATACTTGATTTGTTTTTATATTCCATGCTTTTTTATTACATTTATATACCTTTTCTAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt4101_Genome_Tile|1
CATTTATATACCTTTTCTATTTTGCAACTTACACAATAAAACTTTGTATGTTTTTGTATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt4121_Genome_Tile|1
TTTGCAACTTACACAATAAAACTTTGTATGTTTTTGTATTATATACAATGGTGGCTGCAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt4561_Genome_Tile|1
ACTTCCTCTTCTACAACAACCTCCTGCGGTTTTAGACATTACACCTTCCGCTGGTACAGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt4801_Genome_Tile|1
ATTAGCAGTACACCCACCCCTGGGGTGCGCCGCATTGCTGCACCTCGTTTATATAGCAGG

>HPV82_Alpha_6970427_nt4841_Genome_Tile|1
CACCTCGTTTATATAGCAGGGCATTTCACAGGTTAAGGTTACTAATCCAGACTTTATTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt4921_Genome_Tile|1
ACTTTTGATAATCCTGCTTTTGAACCTGCTGATACATCATTGTCCTTTGAGGAACCTACT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5261_Genome_Tile|1
AGCCTACACAAACCACACCTATGCTTCGCTCTCCATTTTCTCCTTTGTCTACACAACCTAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt5281_Genome_Tile|1
ATGCTTCGCTCTCCATTTTCTCCTTTGTCTACACAACCTACCTTCATTGTCTTCCTCTGTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5301_Genome_Tile|1
TCCTTTGTCTACACAACCTACCTTCATTGTCTTCCTCTGTTTCTTCATCTTATGCTAATGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5321_Genome_Tile|1
CTTCATTGTCTTCCTCTGTTTCTTCATCTTATGCTAATGTTACTATCCCTTTTCTACCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt5361_Genome_Tile|1
TACTATCCCTTTTCTACCACATATAATGTTCCCTATTCATACGGGTCCTGATGTTGTGTT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5421_Genome_Tile|1
ACCTACTTCACCCACTGTGTGGCCCTTTATTCACACACATCTATTGACACACAACATGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt5461_Genome_Tile|1
TCTATTGACACACAACATGCTATTGTTATACAAGGTGGGGATTACTACTTTGTGGCCGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7041_Genome_Tile|1
TCCGCTTCCTCGTCTGCCAAACGTAAAGGGTTAAAAAATAGGTTCCGCCCTGCCTATGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7361_Genome_Tile|1
TATTTGTGGCTTGCAGCACACTTGTATATATATGTTCTTGCTGATTGCATGTACCACAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt7381_Genome_Tile|1
CTTGTATATATATGTTCTTGCTGTATTGCATGTACCACAGGATTCCATTTTGTTTTTTCC
>HPV82_Alpha_6970427_nt7481_Genome_Tile|1
TGACTACATTTGCCAACTTTTGAACCACACTACCTATGTTTTTTGGCATAACCCTTAATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt7501_Genome_Tile|1
TGAACCACACTACCTATGTTTTTTGGCATAACCCTTAATTCTTTTGGCATGGTATGTACA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7701_Genome_Tile|1
TTTGGCTTATTTTGCCTTTATTAATTGCATACTTGGCAGGTCATGAACTAAATGTCTCTG
>HPV51_Alpha_333087_nt0061_Genome_Tile|1
TATAAAAGTGCAGTGGTAAAAGTATAGAAGAACACCATGTTCTGAAGACAAGAGGGAAAGA
>HPV51_Alpha_333087_nt0281_Genome_Tile|1
TATGCAAACAATGTTTACTGTTTTATTCAAAAATTAGAGAGTATAGACGTTATAGCAGGT
>HPV51_Alpha_333087_nt0501_Genome_Tile|1
ATGCGCTAATTGCTGGCAACGTACACGACAACGTAACGAAACCCAAGTGTAAATAAGCCA
>HPV51_Alpha_333087_nt0981_Genome_Tile|1
TGAAAATGCAGATGATACAGGATCTGATTTAATAAACTTTATAGATAGTGAACTAGTAT
>HPV51_Alpha_333087_nt1161_Genome_Tile|1
ATTAGGAGACATTACAAATCAAAACAACACACACAGCCATAGTCAGGCAAACGAGTCACA
>HPV51_Alpha_333087_nt1341_Genome_Tile|1
TAGTAGCGGGGGGGCAGTGTATGGATGTGGAAACAACAGAAAGCTGTGCAAATGTAGA
>HPV51_Alpha_333087_nt1621_Genome_Tile|1
ATACAATGTTTATCATGTGATTGGGGCACCATTGTATTAATGCTAATTAGGTTTTTCATGT
>HPV51_Alpha_333087_nt2081_Genome_Tile|1
GAAAATCATTATCTATGTCAGCCTGGATAAGGTATAGATGTGATAGAGCAAAGGATGGAG
>HPV51_Alpha_333087_nt2101_Genome_Tile|1
GCCTGGATAAGGTATAGATGTGATAGAGCAAAGGATGGAGGCAACTGGAGAGAAATTGCT
>HPV51_Alpha_333087_nt2121_Genome_Tile|1
TGATAGAGCAAAGGATGGAGGCAACTGGAGAGAAATTGCTAAATTTTAAAGATATCAAGG
>HPV51_Alpha_333087_nt2501_Genome_Tile|1
TAGTATGTCCACCATTACTAATAACGTCAAACATAAATCCACAAGAGGATGCAAACCTAA
>HPV51_Alpha_333087_nt2521_Genome_Tile|1
ATAACGTCAAACATAAATCCACAAGAGGATGCAAACCTAATGTATTTACATACAAGGGTA
>HPV51_Alpha_333087_nt2841_Genome_Tile|1

CTATGTTTTATGCAGCACGGGAAAGAACTTACGAACAATCAATCACCAGGTAGTACCAG
>HPV51_Alpha_333087_nt3021_Genome_Tile|1
TATGGTGTGTGGCTCCCAAGCAATGTTTCAAAAAGGGGGGCATAACTGTAACAGTTATAT
>HPV51_Alpha_333087_nt3101_Genome_Tile|1
GCAATGGACTATACAAGCTGGAAATTTATATATATATATGATAATGATAAGTGGGTAAAG
>HPV51_Alpha_333087_nt3121_Genome_Tile|1
GAAATTTATATATATATATGATAATGATAAGTGGGTAAAGACAAATGGAAATGTGGACTA
>HPV51_Alpha_333087_nt3141_Genome_Tile|1
ATAATGATAAGTGGGTAAAGACAAATGGAAATGTGGACTATACGGGTATATATTACACTG
>HPV51_Alpha_333087_nt3161_Genome_Tile|1
ACAAATGGAAATGTGGACTATACGGGTATATATTACACTGTAAATTCAAAAAAGAATAT
>HPV51_Alpha_333087_nt3181_Genome_Tile|1
TACGGGTATATATTACACTGTAAATTCAAAAAAGAATATTATGTACAGTTTAAAGATGA
>HPV51_Alpha_333087_nt3601_Genome_Tile|1
AAAATGTTTTAGATACAGATTTACAAAACACAAAGGGTTATATAAAAACGTATCCTCAAC
>HPV51_Alpha_333087_nt3721_Genome_Tile|1
TCAACGGGAAACATTTATAAAAACCATTAAGTACCCCAAGTGTAACTGTCAATTGGG
>HPV51_Alpha_333087_nt3741_Genome_Tile|1
AAACCATTAAGTACCCCAAGTGTAACTGTCAATTGGGAATTATGACACTGTAAC TAG
>HPV51_Alpha_333087_nt3761_Genome_Tile|1
AGTGTAACTGTCAATTGGGAATTATGACACTGTAAC TAGTGAATATATGTATTGTACA
>HPV51_Alpha_333087_nt4021_Genome_Tile|1
CCAATTAAC TACATTTTTTTGTATATTTGATTTTTTTTTTACTTACCTTGTTTACTTTTACA
>HPV51_Alpha_333087_nt4041_Genome_Tile|1
TATATTTGATTTTTTTTTTACTTACCTTGTTTACTTTTACATCTATATACATTTTTTACTTT
>HPV51_Alpha_333087_nt4081_Genome_Tile|1
TCTATATACATTTTTTACTTTTGCAATAAACTTGTTATATTTTTTG TGATTAAATATGGTGG
>HPV51_Alpha_333087_nt4341_Genome_Tile|1
GGATATATCCCTTTAGGTGGTGGGGGTCGCCAGGCGTGGTGATATTGCTCCTGCAAGG
>HPV51_Alpha_333087_nt4401_Genome_Tile|1
CCACCTATTATAATTGACCTATGGCACCATACTGAACCTTCTATAGTAAATTTGGTTGAG
>HPV51_Alpha_333087_nt4621_Genome_Tile|1
ATATTGAACCTCCATCCATTGAGGCTCCACAATCTGGAGAAGTGTGAGATATATATTTAC
>HPV51_Alpha_333087_nt4661_Genome_Tile|1
AGTGTGAGATATATATTTACTAGTACACTACTCTGGTACTCATGGGTATGAAGAAATACC
>HPV51_Alpha_333087_nt4761_Genome_Tile|1
CCTATTAGCAGCACACCTACTCCAGGGGTTAGTCGCATAGCTGCTCCCCGCTTG TATAGT
>HPV51_Alpha_333087_nt4781_Genome_Tile|1
TCCAGGGGTTAGTCGCATAGCTGCTCCCCGCTTG TATAGTAAGTCTACACACAGGTTAA
>HPV51_Alpha_333087_nt4801_Genome_Tile|1
CTGCTCCCCGCTTG TATAGTAAGTCTACACACAGGTTAAAGTTACAAATCCTGATTTTA
>HPV51_Alpha_333087_nt5241_Genome_Tile|1
ATGTCACACTCCTCTTTGTCTAGGCAGTTGCCCTCCTTATCTTCATCTATGTCTTCATCT
>HPV51_Alpha_333087_nt5261_Genome_Tile|1
TAGGCAGTTGCCCTCCTTATCTTCATCTATGTCTTCATCTTATGCAAATGTTACTATTCC
>HPV51_Alpha_333087_nt5281_Genome_Tile|1
CTTCATCTATGTCTTCATCTTATGCAAATGTTACTATTCCATTTTCAACTACATATTCTG
>HPV51_Alpha_333087_nt5321_Genome_Tile|1
ATTTTCAACTACATATTCTGTTCTATTATACAGGGCCTGATGTGGTATTGCCACATC
>HPV51_Alpha_333087_nt5341_Genome_Tile|1
TTCCTATTACATACAGGGCCTGATGTGGTATTGCCACATCTCCTACAGTATGGCCTTATG
>HPV51_Alpha_333087_nt5361_Genome_Tile|1
GATGTGGTATTGCCACATCTCCTACAGTATGGCCTTATGTTCCCCACACTTCCATTGAC
>HPV51_Alpha_333087_nt5381_Genome_Tile|1
TCCTACAGTATGGCCTTATGTTCCCCACACTTCCATTGACACCAAGCATTTCTATTGTTAT

>HPV51_Alpha_333087_nt5421_Genome_Tile|1
ACCAAGCATTCTATTGTTATACTAGGTGGGGATTACTATTTGTGGCCCTATACACATTTA
>HPV51_Alpha_333087_nt7001_Genome_Tile|1
CCTCTTCAGCCAAACGTAAACGTGTTAAAAAGTAATGTATGTTAGTTTTTGTATGCTTGT
>HPV51_Alpha_333087_nt7021_Genome_Tile|1
CGTGTTAAAAAGTAATGTATGTTAGTTTTTGTATGCTTGTGCACACTGTTGTATGCCTGT
>HPV51_Alpha_333087_nt7301_Genome_Tile|1
CATTTTTTGCAGCACAAACAGTTTATATTTGTGCTATTTAGTTATACTTTGTAGCTTCCAT
>HPV51_Alpha_333087_nt7421_Genome_Tile|1
TTTGCCAAGTTTTAAACCACAACCTGCCAGTTGTTTTTGGCATAAACCATCATTTTTTTTAT
>HPV51_Alpha_333087_nt7621_Genome_Tile|1
GGCATGTATTTTTTGGCATATTTTATCTTACTAATTGCATAGTTGGCAGGTCAAATACTA
>HPV51_Alpha_333087_nt7641_Genome_Tile|1
TTTTATCTTACTAATTGCATAGTTGGCAGGTCAAATACTATGTTTTTAGTGCCAAGTTTC
>HPV47_Beta_333062_nt0001_Genome_Tile|1
AACGGTAAGTTTGCATTAATGTACCAGGTGCGGTACAGATCATTTTACAATGGATATTAT
>HPV47_Beta_333062_nt0121_Genome_Tile|1
ACAGTATTTTATATTAATATATAAATAAATAAATATATAAATGTGTATTTATTTCTCAGG
>HPV47_Beta_333062_nt0161_Genome_Tile|1
ATGTGTATTTATTTCTCAGGCTCAGTTCTTTGCAATTATTAAGACAAATGGCTCAGAAGG
>HPV47_Beta_333062_nt0181_Genome_Tile|1
CTCAGTTCTTTGCAATTATTAAGACAAATGGCTCAGAAGGCTTTGGAACAGACTACAGTT
>HPV47_Beta_333062_nt0201_Genome_Tile|1
AAGACAAATGGCTCAGAAGGCTTTGGAACAGACTACAGTTAAAGAGGAAAAGCTAGAACT
>HPV47_Beta_333062_nt0221_Genome_Tile|1
CTTTGGAACAGACTACAGTTAAAGAGGAAAAGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCT
>HPV47_Beta_333062_nt0241_Genome_Tile|1
AAAGAGGAAAAGCTAGAACTACCTACTACTATTAGAGGCTTAGCTCAATTGTTAGACATA
>HPV47_Beta_333062_nt0281_Genome_Tile|1
TAGCTCAATTGTTAGACATACCTTTAGTAGATTGTTTGCTACCTTGCAACTTTTGTGGCA
>HPV47_Beta_333062_nt0501_Genome_Tile|1
TGAGCTAGCTACAGGCCTTTCCATTTTGTAGATTGACATAAGGTGTCATACCTGCCTGTC
>HPV47_Beta_333062_nt0521_Genome_Tile|1
CCATTTTTGAGATTGACATAAGGTGTCATACCTGCCTGTCATTTCTTGACATTATTGAAA
>HPV47_Beta_333062_nt0861_Genome_Tile|1
TTCGCATTTTTGTGAACGCAACAAACCGTGGCATCAGGACATTTTACAGGAACTTTTGACTG
>HPV47_Beta_333062_nt0881_Genome_Tile|1
ACAAACCGTGGCATCAGGACATTTTACAGGAACCTTTTGACTGGTGATCTGCAGCTCCTCTGC
>HPV47_Beta_333062_nt1801_Genome_Tile|1
GATGTATGGGACCTGGAGTGTTACCCACGGTCTTACCCTGAATGGATTGCACAATTAA
>HPV47_Beta_333062_nt1821_Genome_Tile|1
TTCACCCACGGTCTTACCCTGAATGGATTGCACAATTAACCATTTTGGGCCATAAGAGT
>HPV47_Beta_333062_nt2101_Genome_Tile|1
CTGAGTGATATATACAAGGATACATGAAGTAGAGGGAGAAGGACAGTGGTCTAGCATTG
>HPV47_Beta_333062_nt2281_Genome_Tile|1
AGTCATCGTTTGAATGTCCTTAATAAAAGTTCTAAGGGGGAGAGTATTATCATTTGTAA
>HPV47_Beta_333062_nt2501_Genome_Tile|1
AACAAAGTTTCCACCTTTAATACTTACATCTAATATTAATGTACATGCAGAGACCAATTA
>HPV47_Beta_333062_nt2541_Genome_Tile|1
GTACATGCAGAGACCAATTATAGATACCTACATAGTAGAATTAAGGGTTTTGAATTTAAA
>HPV47_Beta_333062_nt2861_Genome_Tile|1
CTAGGCAGAAAAGGCATAAATAGTTGGGATACCAACCAGTGCCTGCATTAGCAATATCTG
>HPV47_Beta_333062_nt2901_Genome_Tile|1
GCCTGCATTAGCAATATCTGAGGCAAGGGCCAAAGAGGCTATATATATGGTGTTGCAGTT
>HPV47_Beta_333062_nt2941_Genome_Tile|1

ATATATATGGTGTTCAGTTAGAGTCGCTACAAAAATCAGCGTTTGCTTTGGAGCCTTGG
>HPV47_Beta_333062_nt3161_Genome_Tile|1
GGCATAAGACAACAAGTGGGGTCAATCAAACCTGGCATTCTACTACCTATATGGAACATTTA
>HPV47_Beta_333062_nt3181_Genome_Tile|1
GTCAATCAAACCTGGCATTCTACTACCTATATGGAACATTTAAACACTATTATGTGTTATTT
>HPV47_Beta_333062_nt3621_Genome_Tile|1
CAAGACTCGTGCTCGTTCCAGGTCAAGGTCCACCTCCAGATCTACCAGCACCACCAGTAG
>HPV47_Beta_333062_nt3681_Genome_Tile|1
AAGGGGAGGTAGAGGGTCATCCACAAGGCAAAGATCGCGATCACCTCCACCTACACCTC
>HPV47_Beta_333062_nt4161_Genome_Tile|1
CCTCACTCAGAGAAGGGATTTTGATGATGCTGTCAAATATCCAAAAGGAGTCGAGTGGTC
>HPV47_Beta_333062_nt4181_Genome_Tile|1
TTGATGATGCTGTCAAATATCCAAAAGGAGTCGAGTGGTCATATGGTAGTCTTGATAGCC
>HPV47_Beta_333062_nt4201_Genome_Tile|1
CCAAAAGGAGTCGAGTGGTCATATGGTAGTCTTGATAGCCTTTAACAAGCATTAACGCTG
>HPV47_Beta_333062_nt4261_Genome_Tile|1
CTTTGCTACTAACTGCTATTAAACAACCACAGCTTTTTTTTTTACGTTTTTTTTTATTTTACTG
>HPV47_Beta_333062_nt4621_Genome_Tile|1
TGGACCAGTTGATATTTTACCCATTGACACAATCGCACCTGTGCGAGCCTACTGCTTCATC
>HPV47_Beta_333062_nt4641_Genome_Tile|1
CCATTGACACAATCGCACCTGTGCGAGCTACTGCTTCATCTTTAGTCCCATTAAACAGAGT
>HPV47_Beta_333062_nt4661_Genome_Tile|1
GTCGAGCCTACTGCTTCATCTTTAGTCCCATTAAACAGAGTCGTCTGGTGCTGATTTACTT
>HPV47_Beta_333062_nt4741_Genome_Tile|1
AGCCGAAATACATCCTATTTCCTGAAGGTCCGACAATCGACTCCCCCTGTAGTCACCACAAC
>HPV47_Beta_333062_nt4881_Genome_Tile|1
ATAATCCCTCTTTTCAGATACTCACTGAATCAACACCTGCGCAGGGCGAGAGTTCTCTTG
>HPV47_Beta_333062_nt4901_Genome_Tile|1
CTCACTGAATCAACACCTGCGCAGGGCGAGAGTTCTCTTGCTGACCATATTTTGGTCACC
>HPV47_Beta_333062_nt4941_Genome_Tile|1
CTGACCATATTTTGGTCACCTCAGGGTCTGGTGGACAAAGGATAGGCGGTGATATAACAG
>HPV47_Beta_333062_nt4961_Genome_Tile|1
TCAGGGTCTGGTGGACAAAGGATAGGCGGTGATATAACAGACGAAATTGAACTTACTGAG
>HPV47_Beta_333062_nt4981_Genome_Tile|1
GATAGGCGGTGATATAACAGACGAAATTGAACTTACTGAGTTTCCAAGCAGATATACATT
>HPV47_Beta_333062_nt5081_Genome_Tile|1
CCATTACAAACTGTAGCCTCTGCAGTAAGGCGACGGGGCTTCTCATTAACAAATAGAAGA
>HPV47_Beta_333062_nt5301_Genome_Tile|1
ATATTAAACAATTGGGCCGTCTCAATATTCTACAACACCAGCAGGTTATATTAGGGTAA
>HPV47_Beta_333062_nt5421_Genome_Tile|1
TACACTTTTATAGAGATTTAAGTTCTATAAACTACTGAGGATCCAATAGAACTACAGCTTT
>HPV47_Beta_333062_nt5561_Genome_Tile|1
CCTTTATCTGAAACAATAGATGCTTCATCTAATGATTTACTTTTGGATGAGACTGTGGAG
>HPV47_Beta_333062_nt5661_Genome_Tile|1
GTACAACATCATATACTGTTCCAGATTTGAGACTACTAGAAGTAGTTCCTATTATGTTT
>HPV47_Beta_333062_nt5681_Genome_Tile|1
CCCAGATTTGAGACTACTAGAAGTAGTTCCTATTATGTTCAAGACACAGATGGTTATTAT
>HPV47_Beta_333062_nt5701_Genome_Tile|1
AAGTAGTTCCTATTATGTTCAAGACACAGATGGTTATTATGTTGCTTACCCAGAGTCACG
>HPV47_Beta_333062_nt5721_Genome_Tile|1
AAGACACAGATGGTTATTATGTTGCTTACCCAGAGTCACGGGACACTATTGATATTATTT
>HPV47_Beta_333062_nt5741_Genome_Tile|1
GTTGCTTACCCAGAGTCACGGGACACTATTGATATTATTTACCCTACACCTGAATTACCT
>HPV47_Beta_333062_nt5761_Genome_Tile|1
GGACACTATTGATATTATTTACCCTACACCTGAATTACCTGTAGTTGTCATTACACCCCA

>HPV47_Beta_333062_nt6941_Genome_Tile|1
ACAAGAAATACAAATTTTCAGCATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATA
>HPV47_Beta_333062_nt6961_Genome_Tile|1
CATCTCTGTTTACTCTCAGGCAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAA
>HPV47_Beta_333062_nt6981_Genome_Tile|1
CAGGGGACATAAAGGATATACAGGATTATAATGCAGACAATTTTAGAGAGTATCAAAGAC
>HPV47_Beta_333062_nt7161_Genome_Tile|1
TTGTGCCTACTCCAGACAACCCTATTTCAGGATACATATAGATATCTAGAATCTTTGGCCA
>HPV47_Beta_333062_nt7181_Genome_Tile|1
CCTATTTCAGGATACATATAGATATCTAGAATCTTTGGCCACTAGGTGTCCTGAAAAGTCT
>HPV47_Beta_333062_nt7221_Genome_Tile|1
CTAGGTGTCCTGAAAAGTCTCCTCCAAAAGAGAAGGTTGACCCCTACAAAGGTTTAAACT
>HPV47_Beta_333062_nt7621_Genome_Tile|1
ACGCTCGGATTAGGTCTTCTGCCAAAAGAAATTTAATCTTGTTATCGTTTTTGGCGATCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt0061_Genome_Tile|1
ATATATAAAGCACACCAGTGTCCACCTACAGTGCAAGAAATATGTTTCAGGACACAGACG
>HPV67_Alpha_3228267_nt0261_Genome_Tile|1
TACAGATGTGGGAATCCGTATGGGGTATGTAAGCAATGCCTAAGACTGTTATCAAAAGTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt0281_Genome_Tile|1
TGGGGTATGTAAGCAATGCCTAAGACTGTTATCAAAAGTTAGTGAATATAGATATTTTAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt0341_Genome_Tile|1
CTATTCAGTATATGGAAATACTTTAGAAGAAATTGTGCATAAACCATTAAATGAAATTAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt0361_Genome_Tile|1
CTTTAGAAGAAATTGTGCATAAACCATTAAATGAAATTACAATACGATGTATAACATGTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt0501_Genome_Tile|1
GGACGGTGTTCAGTGTGTTGGAGACCTCAACGAACGCAGACCCAGGTATAATATTTGAAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt0521_Genome_Tile|1
GAGACCTCAACGAACGCAGACCCAGGTATAATATTTGAAGCCATGCGTGGAGACAAAGCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt0701_Genome_Tile|1
GCAAAACCAGATACAACCAATTACCATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt0721_Genome_Tile|1
TTACCATATTGTTACTGTGTGTAACATCTGTGAGTGCACCTTTGCGTTTGTGCATTACACAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt0781_Genome_Tile|1
TACAGCAGCAGACGTCCGAACAATCCAGCAGATGCTTATGAACACACTAGGAATAGTGTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt0981_Genome_Tile|1
AGGATGAGGATGCATCTGACACTGGTAGTGATTTAATTGGCTTTATAGATGATACACATA
>HPV67_Alpha_3228267_nt1141_Genome_Tile|1
TACAGGCATACAGGCATGTGGTGGTAATAGTAATGGTATAGAAAACCAAGCATGTACAGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt1161_Genome_Tile|1
GTGGTAATAGTAATGGTATAGAAAACCAAGCATGTACAGCCGCAAAACGCAGAGCATACG
>HPV67_Alpha_3228267_nt1181_Genome_Tile|1
GAAAACCAAGCATGTACAGCCGCAAAACGCAGAGCATACGACATAGAAGACAGCGGATAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt1321_Genome_Tile|1
TAGTACGGGGGCAAGTAGTACGGGAAACAGTGTAGATATGCAATCGGAAAGTAATAGTAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt1361_Genome_Tile|1
CAATCGGAAAGTAATAGTAGTCAGGAACAAAGCATGCCATTGCAAACTGTGGAAAATATT
>HPV67_Alpha_3228267_nt1381_Genome_Tile|1
TCAGGAACAAAGCATGCCATTGCAAACTGTGGAAAATATTATGCATGTAAATAATATAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt1401_Genome_Tile|1
TGCAAACTGTGGAAAATATTATGCATGTAAATAATATAAAGGCAACGTTAATGCATAAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt1441_Genome_Tile|1
GGCAACGTTAATGCATAAATTTAAGGAAGCATATGGGGTAACGTTTACACAGCTAATAAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt1461_Genome_Tile|1
TTAAGGAAGCATATGGGGTAACGTTTACACAGCTAATAAGACCATTTAAAAGTGACAGGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt1561_Genome_Tile|1

ACCATCAGTAGCAGAAAGTTTAAAGGTGTTAATCAAGCCACAAACGTTGTACACACATTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt2481_Genome_Tile|1
ATAAAGCGTTAGTACAGCTAAAATGTCCACCATTACTATTAACCTCCAACATAGATGTAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt2501_Genome_Tile|1
AAATGTCCACCATTACTATTAACCTCCAACATAGATGTAGCAACAGATTCAAGATGGCCG
>HPV67_Alpha_3228267_nt2521_Genome_Tile|1
AACTTCCAACATAGATGTAGCAACAGATTCAAGATGGCCGTTTTTACATAGTAGAGTAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt2541_Genome_Tile|1
CAACAGATTCAAGATGGCCGTTTTTACATAGTAGAGTAGTAGTGTTTAGATTTAACAATC
>HPV67_Alpha_3228267_nt2781_Genome_Tile|1
GCTAATAAAAAAGACTTATGTACACAAATTGAACATTGGAGACTGAGACGCATTGAATGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt2821_Genome_Tile|1
GACTGAGACGCATTGAATGTGCTTTGTATTATAAAGCTAAAGAACTGGGACTGGCACGGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt2981_Genome_Tile|1
TAGTAATGATGAATGGACATTGCAAAGTACCAGCCTAGAACTATGGTTATGTGAACCAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3001_Genome_Tile|1
TGCAAAGTACCAGCCTAGAACTATGGTTATGTGAACCAAAAAAATGTTTAAAAAAAAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt3041_Genome_Tile|1
AAAATGTTTAAAAAAAAGGAGAGACTGTAACAGTGCAATACGATAATGATAAAGAAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3081_Genome_Tile|1
TACGATAATGATAAAGAAAATACAATGGAATATACAAGTTGGAATGAAATATATATAGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3121_Genome_Tile|1
GGAATGAAATATATATAGTAAAGGACTCTGTGTGGACAGTGGTAGTGGGAAAGGTGGACT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3141_Genome_Tile|1
AAGGACTCTGTGTGGACAGTGGTAGTGGGAAAGGTGGACTATATGGGACTATATTATATA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3201_Genome_Tile|1
TATGAAACAGAAAAAACGTATTATGTAAAGTTTGAAACCGATGCTAAAAAGTATTCAAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3321_Genome_Tile|1
AGTAACGAAATATCCACTACTGAGGTTGCTGCCCCGATACCACACGCCACAGAAACGTAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3441_Genome_Tile|1
GACGTCCCAGACTTCTGCAACAACCTCCCAGCACCCACAAAGCTATTGTGCAGACAACGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt3461_Genome_Tile|1
CAACTCCCAGCACCCACAAAGCTATTGTGCAGACAACGGTCCGTGGACTGTACATCGGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3801_Genome_Tile|1
ATTGTTTGTGGTATAATGTCATTGTAATATATTGTATATTACTACATTACACACAAGCCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3861_Genome_Tile|1
ATATGTGCTGCTAAGTTGTATATATAGGTATACTATACAATGCTGGCCATTTTTGTATTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3881_Genome_Tile|1
TATATAGGTATACTATACAATGCTGGCCATTTTTGTATTTGCATTTGTGTTGCTGTTGTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt4021_Genome_Tile|1
GTTTTATAGGTTCCCCCTTACGGGTATTTTTGGCATATCTTATATTTTTGTACCTACCTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4041_Genome_Tile|1
CGGGTATTTTTGGCATATCTTATATTTTTGTACCTACCTATGATGTGTATTCATTTACAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4061_Genome_Tile|1
TATATTTTTGTACCTACCTATGATGTGTATTTCATTTACATGCACAGTATATTGTTTCCTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4081_Genome_Tile|1
TGATGTGTATTCATTTACATGCACAGTATATTGTTTCCTAATACTTTGTATACTGTATGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4141_Genome_Tile|1
ATTTGTACATATTTATTGTTTTGTGCACAGTGTGGTACAATGGCATACTTTTTATATTTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4181_Genome_Tile|1
TGGCATACTTTTTATATTTACTAATAAACCATTTTTTTTACTAGTGTGTACAATG
>HPV67_Alpha_3228267_nt4421_Genome_Tile|1
GGGTCTGGTACGGGTGGTAGAACAGGTTATGTCCCCTTATCTACACGGCCTCCCACTGCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4441_Genome_Tile|1
AACAGGTTATGTCCCCTTATCTACACGGCCTCCCACTGCATCTGCGCCTACATCTACAAT

>HPV67_Alpha_3228267_nt4481_Genome_Tile|1
TCTGCGCCTACATCTACAATACGACCCCCTGTATCTGTTGATACTGTAGGGCCCCTAGAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt4701_Genome_Tile|1
TTACCACCCATTTAAATCCCACCTTTTACAGAACCTTCAGTACTCCGCCCATTTTCATCTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4721_Genome_Tile|1
ACTTTTACAGAACCTTCAGTACTCCGCCCATTTTCATCTTCTGAAGCCTCTGGTCATTTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4741_Genome_Tile|1
ACTCCGCCCATTTTCATCTTCTGAAGCCTCTGGTCATTTAATATTTTCTACACCCACTAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4841_Genome_Tile|1
ATTGTTTCTACTACTAGTGACAATGTAAGTAGTAGCACCCTATTCTTAGGCCTCGCCCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt4981_Genome_Tile|1
ATTAATTACATTTGATAATCCTGCATTTCAACCTACAGAACCTGATGAAACACTTTACTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5021_Genome_Tile|1
CCTGATGAAACACTTTACTTTCAACACCAAGACATTTTCACCTGCACCTGACCCTGACTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5201_Genome_Tile|1
GTGCATTATTATCAGGATTTAAGTCTATAGTACCTGCTGACTCCATAGAACTACAGCCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5221_Genome_Tile|1
AAGTCCTATAGTACCTGCTGACTCCATAGAACTACAGCCATTATCTCGCCCTGTGTCTTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5241_Genome_Tile|1
ACTCCATAGAACTACAGCCATTATCTCGCCCTGTGTCTTCTGCTTCCCATTCTATTAATG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5301_Genome_Tile|1
ATGGTTTATATGATGTATATATGGATCCTGACACACCCTTTCCACAGCCATCAATATCCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5321_Genome_Tile|1
ATGGATCCTGACACACCCTTTCCACAGCCATCAATATCCTATTACATAGTCCTCAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5341_Genome_Tile|1
TCCACAGCCATCAATATCCTATTACATTACATAGTCCTCAGACCACCAATGTTACTGTCCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5361_Genome_Tile|1
ATTCATTACATAGTCCTCAGACCACCAATGTTACTGTCCCCTTAAGTAGTGGTTTTGATT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5381_Genome_Tile|1
ACCACCAATGTTACTGTCCCCTTAAGTAGTGGTTTTGATTTTCCATTTTCCTCTACTGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5421_Genome_Tile|1
TTCCATTTTCCTCTACTGTACCATTACAGCCAGGTCCTGATATTGTGTCCCCTGTAGCCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5481_Genome_Tile|1
CTACATACACTCCTTTTGTACCTGTTATACCTACATCTCCCTTTAACAATGTACTTGTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5501_Genome_Tile|1
CCTGTTATACCTACATCTCCCTTTAACAATGTACTTGTTTATGGTAGTGATTTTATTTTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5741_Genome_Tile|1
TTTAGCTGTAGGCCATCCTTACTTTTCCATTCCTAATCCCTCCAACACTAAAAAGGTGTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5981_Genome_Tile|1
ATTACTTAATAAGTTTGATGATACTGAAACAAATAATAAATACCCTAGCCAGCCTGGTAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6001_Genome_Tile|1
ATACTGAAACAAATAATAAATACCCTAGCCAGCCTGGTACTGATAATAGGGAATGCTTGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6121_Genome_Tile|1
ACTGGGGTAAAGGTACCCCGTGTAGTGGTAACAGTAATGGGCCAGGTGCCTGTCCCCCTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6381_Genome_Tile|1
ATGTTTGTAGGCATTTGTTTAAACAGAGCAGGTAAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6401_Genome_Tile|1
TAACAGAGCAGGTAAATTAGGGGAGGATGTACCTACAGATTTGTATTTTAAGGGATCTGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6441_Genome_Tile|1
TTGTATTTTAAGGGATCTGCAAACACTTCTGCACCTGCAAACCTCAGCTTTTTTTCCTACT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6621_Genome_Tile|1
GACACTACACGTAGTACCAACATGACTTTATGTTCTGAGGAAAAATCAGAGGCTACATAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6741_Genome_Tile|1
TTTCAGCTGTGCAAAATATCCCTTACTGCAAATGTTATGCAATACATACACACCATGAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7021_Genome_Tile|1

TATTGCAGGCAGGTTTTACAGCTAAACCTAAACTAAAACGTTCTTCACCTTCTTCTTCCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7101_Genome_Tile|1
AAAAAGGTTAAAAGGTAATTGTATGACTGTTGTGTGTTTGTATTGTTGTATGTATGATT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7121_Genome_Tile|1
GTATGACTGTTGTGTGTTTGTATTGTTTGTATGTATGATTTGTATGTTTGTGTAATGTGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7161_Genome_Tile|1
TGTATGTTTGTGTAATGTGTATGTTATGTGTATGCATGTTCCCTGTGTCTGTCAATTTCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7281_Genome_Tile|1
CCCAATGAGTAAGGTACTGTCCCTATATCCCTGCCCATGCCATGCCCTTGCCTATCCCTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt7301_Genome_Tile|1
CCCTATATCCCTGCCCATGCCATGCCCTTGCCCTATCCCTGTATAATTATATGTAGCATAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7321_Genome_Tile|1
CATGCCCTTGCCTATCCCTGTATAATTATATGTAGCATACTGTGTTTGGTATATTTATTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7341_Genome_Tile|1
TATAATTATATGTAGCATACTGTGTTTGGTATATTTATTACTTTTACTTATAACATTACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7361_Genome_Tile|1
TGTGTTTGGTATATTTATTACTTTTACTTATAACATTACAGTCTCCATTTTGGGTACTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7381_Genome_Tile|1
CTTTTACTTATAACATTACAGTCTCCATTTTGGGTACTACTCCATTTTATATCTGTAAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7481_Genome_Tile|1
GTTTCTTGCCAACATTGTTAATCTTTGTCTTCTGCAGTGCAATGCCTTTACTTGCTGTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7501_Genome_Tile|1
ATCTTTGTCTTCCCTGCAGTGCAATGCCTTTACTTGCTGTTGCTCTCCCGCCTAAATTGAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7541_Genome_Tile|1
GCTCTCCCGCCTAAATTGACTCATGGTATTGCAGTGCAACACGCCCTTTTACATGTTTTTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7621_Genome_Tile|1
TTTTACCATGTTTTTATTGCTTAATTGCACTTTTGGCTTGCACAGCACTATTTTATTGGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt7641_Genome_Tile|1
TTAATTGCACTTTTGGCTTGCACAGCACTATTTTATTGGGTTTATGTTACTATTGTAAGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7681_Genome_Tile|1
TTTATGTTACTATTGTAAGCCAACATACACCTTGTAATAATGATTCAAACCTTACTCACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7721_Genome_Tile|1
GATTCAAACCTTACTCACACAGGTGTGTATGCACCGGTTTGGGTAAACATGTTCCAACC
>HPV70_Alpha_1173493_nt0061_Genome_Tile|1
AAAACGGTGTATATAAAACCATGCAAAAGTTGCTTGCCCATACGGAATGGCGCGATTTCC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1201_Genome_Tile|1
AGCAATCTAAATAAAAGTCCTTGTGCAAAACCGCCAGGCGTACATAGGGAACAAAGGGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt1221_Genome_Tile|1
TTGTGCAAAACCGCCAGGCGTACATAGGGAACAAAGGGTAACACTACAAGAGCTCCCGGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1241_Genome_Tile|1
TACATAGGGAACAAAGGTAACACTACAAGAGCTCCCGGTAAACATATGCAATAAACAGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1281_Genome_Tile|1
AAACATATGCAATAAACAGGCAAGAACAAACGTGTATTTCAGTACCAGACAGCGGCTATGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1461_Genome_Tile|1
AGACAGTGCTATTGATAGTGAGAATCAAGATCCACAGTCACCTACTGCACAGCTAAAAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1481_Genome_Tile|1
AGAATCAAGATCCACAGTCACCTACTGCACAGCTAAAAACAGTATTACAGGCTAATAACC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1501_Genome_Tile|1
CCTACTGCACAGCTAAAAACAGTATTACAGGCTAATAACCAAAAAGCCATACTACTATCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt1521_Genome_Tile|1
AGTATTACAGGCTAATAACCAAAAAGCCATACTACTATCACAATTTAAACACACATATGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1541_Genome_Tile|1
AAAAAGCCATACTACTATCACAATTTAAACACACATATGGATTAGCATTTAACGACCTGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1701_Genome_Tile|1
GCCATATGCGTTATATACACATATACAGTGTTTGGATACCAAATATGGAGTGTATATACT

>HPV70_Alpha_1173493_nt1721_Genome_Tile|1
ATATACAGTGTGGATACCAAATATGGAGTGTATATACTACTATTAATTAGATATAAAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1781_Genome_Tile|1
GTGGAAAAAACAGGATAACAGTAGGCAAAGGATTAAGTAAATTATTACATGTGCCAGAAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt2221_Genome_Tile|1
TGTGATAAATGTGACGATGGGGGCGACTGGCGACCAATAGTGCAATTTCTAAGGTATCAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt3161_Genome_Tile|1
AAAAAAGGTGTTACAGTGGAGGTGTGGTACGATGGAAACAAGGACAATTCTATGCATTAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3301_Genome_Tile|1
ATATTATGTGCACGAGCAGCATAAGACATATTATGAAGTGTTTAAGCAGGATGCACAAAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3441_Genome_Tile|1
ACGACACAGTACCCACTACTGAGCTTACTGCAGAACTACAACACACCACCCCGGCCATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt3521_Genome_Tile|1
ACCAAAAAAATAAGTCGGCGCCGTCTTGCAAGTGTGGAGTCTCCAGACCCCTCAGAAACA
>HPV70_Alpha_1173493_nt3541_Genome_Tile|1
GCCGTCTTGCAAGTGTGGAGTCTCCAGACCCCTCAGAAACAGACGGAGTGTTCGTGGACCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3581_Genome_Tile|1
GACGGAGTGTTCGTGGACCTTGTACAAAGTAAAGGCTGCAACAAACGACGGCACCAGTGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3681_Genome_Tile|1
AAAATGGTTTAAAGTGTCTTAGGTATCGATTGCGAAAATTTAATTCATTGTATGAAAATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt3761_Genome_Tile|1
ATAGGGGGCAAGGAAGTAAACATACAGGTATACCTAAGTAAACATATACTACTGAAGCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt3841_Genome_Tile|1
AACTGTTAGAAATCCACCTAGTGTACATGTATCTGTGGGATATATGACATTGTAACAGCA
>HPV70_Alpha_1173493_nt3861_Genome_Tile|1
GTGTACATGTATCTGTGGGATATATGACATTGTAACAGCACATGCTGTATGTATATTGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt4021_Genome_Tile|1
ATATGTGGCTACTTTTATTTGTGTTTATTGTTGTACATACCACACCATTGCAAATGTTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt4081_Genome_Tile|1
GTATATATTTACTATTTTTTATATTGCCATGTGGTTTTTACACATCCTTTCAGTATATG
>HPV70_Alpha_1173493_nt4101_Genome_Tile|1
ATATTGCCATGTGGTTTTTACACATCCTTTCAGTATATGCTTAAGTTGTGTTGCTGCAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt4121_Genome_Tile|1
ACACATCCTTTCAGTATATGCTTAAGTTGTGTTGCTGCATAGTGTATTGTACATTACTTG
>HPV70_Alpha_1173493_nt4521_Genome_Tile|1
CAGTTGGTAGAGGAATCTAGTGTGTTTCTCTGGTACACCCATCCCTACTTTTACAGGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt5181_Genome_Tile|1
AACATTACTGCAACAGAAGACATTGAGATGCAACCTTTACTTACCTCTGAATCTACAGAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5221_Genome_Tile|1
TTACCTCTGAATCTACAGATGGTTTATATGATATATATGCAGATGCAGATATAGATAATG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5261_Genome_Tile|1
AGATGCAGATATAGATAATGCAATGTTACATACTACTTCTCATACAGGTCTACAGGACC
>HPV70_Alpha_1173493_nt5281_Genome_Tile|1
CAATGTTACATACTACTTCTCATACAGGTCTACAGGACCTAGGTCCCATCTTTCATTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5301_Genome_Tile|1
CATACAGGTCTACAGGACCTAGGTCCCATCTTTCATTTCTTCTATACCTTCTACAGTG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5321_Genome_Tile|1
TAGGTCCCATCTTTCATTTCTTCTATACCTTCTACAGTGTCTACAAAATATAGTAATAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt5341_Genome_Tile|1
CTTCTATACCTTCTACAGTGTCTACAAAATATAGTAATACAACCATTCCATTTACTACTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5361_Genome_Tile|1
TCTACAAAATATAGTAATACAACCATTCCATTTACTACTTCTTGGGACATACCTGTAACC
>HPV70_Alpha_1173493_nt5381_Genome_Tile|1
AACCATTCCATTTACTACTTCTTGGGACATACCTGTAACCACTGGCCCTGACATAGTTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5401_Genome_Tile|1

CTTGGGACATACCTGTAACCACTGGCCCTGACATAGTTTTACCTACTGCATCCCCCAATT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5421_Genome_Tile|1
ACTGGCCCTGACATAGTTTTACCTACTGCATCCCCCAATTTGCCCTTGTCCCTCCTACA
>HPV70_Alpha_1173493_nt6381_Genome_Tile|1
GGTGGGCGACACAATACCTTCAGAGTTATATATTAAAGGCACGGATATACGTGAGCGTCC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6401_Genome_Tile|1
CAGAGTTATATATTAAAGGCACGGATATACGTGAGCGTCCTGGTACTCATGTATATTCCC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6801_Genome_Tile|1
AGTTACCCCTCCACCATCTGCAAGCTTGGTGGACACGTATAGGTATTTACAATCAGCAGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt7001_Genome_Tile|1
TAGGGGCTCGCAGACGTCCTACTATAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7021_Genome_Tile|1
ACTATAGGCCCTCGCAAACGCCCTGCGTCAGCTAAATCGTCTTCCCTCAGCCTCTAAACAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt7081_Genome_Tile|1
AAACGGAAACGTGTGTCCAAGTAATGTATGTATGTTGTATGCTGTGTATTATTGTACTAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7141_Genome_Tile|1
TACATATTTGTGTTTTTATGTTGTATGCTTGCACACTGTTTACATATTTGTGTTTGTATG
>HPV70_Alpha_1173493_nt7181_Genome_Tile|1
TACATATTTGTGTTTGTATGTTGTATGCTTGCACACTGTACTGTATATGTTTGTCCCTGGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7201_Genome_Tile|1
TTGTATGCTTGCACACTGTACTGTATATGTTTGTCTCTGGTACATATTTGTGGTTGTATGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7221_Genome_Tile|1
CTGTATATGTTTGTCTCTGGTACATATTTGTGGTTGTATGTGTATATGTTGCGTGCTATGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7441_Genome_Tile|1
AGGTGTGTGTATACCATTTGTAGTTTATACATTTATATTTTATAGTGGGTACCTGTATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7461_Genome_Tile|1
TAGTTTATACATTTATATTTTATAGTGGGTACCTGTATACAGCAACGGCCATTTTGTGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7541_Genome_Tile|1
TTGGCTTTGTACCATCAGTTACCCTTATAAACCTTTTGTATCAGCAAAAACATGTCCTGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7561_Genome_Tile|1
ACCCTTATAAACCTTTTGTATCAGCAAAAACATGTCCTGTAAACCTAAGTTCACCTACATA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7601_Genome_Tile|1
AACCTAAGTTCACCTACATACTTGGCACTACTAACAGTTTTAGTGGCGCACCTACACTTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7681_Genome_Tile|1
CACTACAACAATGCTTTGGCAACCTTATGCACCTCCACCCTGTCTAATAAAGTGCTTTTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7761_Genome_Tile|1
TTACTTACCTAAGAGCATAGTTGGCCTGTATAACAGCTTTTACATCCAAGAATGTGTCTGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7801_Genome_Tile|1
TACATCCAAGAATGTGTCTGTTTGGTGCAAGTTATATTTTGTGACTAATATTTTACAGAC
>HPV8_Beta_333074_nt0001_Genome_Tile|1
AACGGTAAGTTTCATCAGTGTAACAGGTGCGGTATGAAAATTTCTTAATCATAAGTTGTT
>HPV8_Beta_333074_nt0021_Genome_Tile|1
TACCAGGTGCGGTATGAAAATTTCTTAATCATAAGTTGTTATTGCCAACAACCATCGTCT
>HPV8_Beta_333074_nt0121_Genome_Tile|1
TTGTATATTAAATAAATAAATAAATATATATATATATTGTTACAATGCTGTGACTTGTGC
>HPV8_Beta_333074_nt0141_Genome_Tile|1
TAAATATATATATATATTGTTACAATGCTGTGACTTGTGCAATTTTCCTAAGCAAATGGA
>HPV8_Beta_333074_nt0161_Genome_Tile|1
TACAATGCTGTGACTTGTGCAATTTTCCTAAGCAAATGGACGGGCAGGACAAGGCTTCAT
>HPV8_Beta_333074_nt0181_Genome_Tile|1
AATTTTTCCTAAGCAAATGGACGGGCAGGACAAGGCTTCATATTTAGACACTAATAAGGAC
>HPV8_Beta_333074_nt0241_Genome_Tile|1
GAGCTACCCCTACTATTAAAGAGTTAGCTGCGGCTTTAGGTATTCCATTGCAGGACTGT
>HPV8_Beta_333074_nt0281_Genome_Tile|1
GTATTCCATTGCAGGACTGTTTCAGTACCGTGCAACTTTTGTGGTAACTTTTGGATTCT

>HPV8_Beta_333074_nt0321_Genome_Tile|1
TGGTAACTTTTGGATTCTTAGAACTGTGTGAGTTTGACAAAAAGAGACTGTGCCTAAT
>HPV8_Beta_333074_nt0381_Genome_Tile|1
TTGGAAAAATTACGTTGTTACTGCGTGTGTCGTTGTTGTTGTGTAGCAACCGCAACGTT
>HPV8_Beta_333074_nt0501_Genome_Tile|1
ACGTTCAATTTTGGAGATAGACGTTAGGTGTCAAAACTGCTTGTTCATTTTGGATATCAT
>HPV8_Beta_333074_nt0841_Genome_Tile|1
CAAGCTACGTCTTTTTGTCAACGCAACTGATTCGGGTATCAGGACCTTTCAAGAATTGCT
>HPV8_Beta_333074_nt0861_Genome_Tile|1
ACGCAACTGATTCGGGTATCAGGACCTTTCAAGAATTGCTGTTCAGAGACCTACAGCTTC
>HPV8_Beta_333074_nt1921_Genome_Tile|1
TTGAGGAGGCCGACATTGCTTATGGATATGCAAACTAGCCCCAGAAGATGCTAATGCTG
>HPV8_Beta_333074_nt2081_Genome_Tile|1
TGAGTGGATATATACAAGGATCAATGAGGTTGAAGGAGAGGGGCATTGGTCTTCCATAGT
>HPV8_Beta_333074_nt2181_Genome_Tile|1
TTAGCTGCCTTAAAAGATTTTTTGCATTCCGTACCTAAGCGAAACTGTTTGTTAATCTAT
>HPV8_Beta_333074_nt2481_Genome_Tile|1
ATTAAATTTCTCCCCCTTTTGTTAACTTCCAATATTAACCTGCATGAGGAGGCTAACTAT
>HPV8_Beta_333074_nt3101_Genome_Tile|1
TGTGGAAGCACATTTACTACACTGATGCAGACGATAAGTGGCACAAAACCACAGTGGGG
>HPV8_Beta_333074_nt3441_Genome_Tile|1
AAGGTACGGGAGACGGCGTCCAGCAGAACAAGACCGCAAAAAGAGCAGAGGCGATCAAG
>HPV8_Beta_333074_nt4201_Genome_Tile|1
CATTACTAACGCTGCCTTGCTACTAACAACATAATTTCCATTTGCTTTTTACTATA
>HPV8_Beta_333074_nt4221_Genome_Tile|1
TACTAACACACTAACATATTTCCATTTGCTTTTTACTATATTTTTTAATTGTATACTGCT
>HPV8_Beta_333074_nt4241_Genome_Tile|1
CCCATTTGCTTTTTACTATATTTTTTAATTGTATACTGCTATGGCGCGTGCTAGACGGGT
>HPV8_Beta_333074_nt4561_Genome_Tile|1
AAGCGGTAGGTCCTATGGACATACTGCCAATCGACACTATTGACCCTGTAGAGCCTTCAG
>HPV8_Beta_333074_nt4581_Genome_Tile|1
ATACTGCCAATCGACACTATTGACCCTGTAGAGCCTTCAGTCTCCTCTGTGGTGCCACTC
>HPV8_Beta_333074_nt4601_Genome_Tile|1
TGACCCTGTAGAGCCTTCAGTCTCCTCTGTGGTGCCACTCACTGAATCTTCAGGAGCCGA
>HPV8_Beta_333074_nt4761_Genome_Tile|1
GCCATTTTAGAGGTGGCTCCTGAGCCAACCCCTCCTACCCGTGTCAGAGTTTCACGTACA
>HPV8_Beta_333074_nt4841_Genome_Tile|1
TCAAATCATAACTGATTCCACACCTACACAAGGAGAAAGTTCTCTAGCAGACCACATTTT
>HPV8_Beta_333074_nt4921_Genome_Tile|1
GCCAGACTATAGGTAGTGACATAACAGATGTCATAGAAGTCAAGAATTTCCCTAGTAGGT
>HPV8_Beta_333074_nt4941_Genome_Tile|1
ATAACAGATGTCATAGAAGTCAAGAATTTCCCTAGTAGGTATTCATTTGAGATTGATGAA
>HPV8_Beta_333074_nt5001_Genome_Tile|1
CCTACACCACCACGGCAAAGTAGCACACCTATTGAGAGACCTCAAGTAGTTGGTAGACGT
>HPV8_Beta_333074_nt5021_Genome_Tile|1
TAGCACACCTATTGAGAGACCTCAAGTAGTTGGTAGACGTAGAGGTATTTCTTTAACAAA
>HPV8_Beta_333074_nt5101_Genome_Tile|1
TGGCTGTTGAGGATCCTTTGTTTTTATCAAAACCTTCCAAATTAGTAAGGTTCAAGTTTTG
>HPV8_Beta_333074_nt5161_Genome_Tile|1
ATAATCCTGTATTTGAAGAGGAGGTCATAATATATTTGAGCAAGATGTGGACATGGTCG
>HPV8_Beta_333074_nt5381_Genome_Tile|1
GGATTTAAGTTCAATCAATACAGAAGATCCTATAGAAGTCCAACTATTAGGTCAACATTC
>HPV8_Beta_333074_nt5481_Genome_Tile|1
TTTGTAATGTTGATATTTCTGAAAATCCTTTATCTGAAAGTATTCAGGCATTTTCAGAT
>HPV8_Beta_333074_nt5701_Genome_Tile|1

AAAGTCGCAATAATGAGGAAATAATTTACCCTACACCTGATCTTCCGGTGGTAATAATCC
>HPV8_Beta_333074_nt5721_Genome_Tile|1
ATAATTTACCCTACACCTGATCTTCCGGTGGTAATAATCCACACACATGATAACAGTGGT
>HPV8_Beta_333074_nt7341_Genome_Tile|1
AAAATCTATATCTAGGGGCTCCGTCAGGGGCACAAAACGAAAACGGAAAAATTAGATTGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt0201_Genome_Tile|1
GTATACTGCAAAAAGGAACTTACAAGTTTAGAGCTATATAGGTTTGCATGTATTGAGTTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt0221_Genome_Tile|1
TACAAGTTTLAGAGCTATATAGGTTTGCATGTATTGAGTTAAACTAGTATATAGAAACAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt1001_Genome_Tile|1
AAAGCGAGGAGGAGAATGAAACAGATACAGATGTAGATGGATTTATAGACAATACACTTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt1261_Genome_Tile|1
ACATTGGAAACATTGGAACATCACAACAGGTAGAATACGAAAAGGGAAATGGGTGCGGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt1361_Genome_Tile|1
AGCACTCGGTATCAAATATGGATATAGATACAAATATGGAACACCAACACACCAATTGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt3141_Genome_Tile|1
ATTATAATGGAGAGTGTGGGTGGTGTAAAGTGTCTCAGGGGTGGATTACAGAGGCATAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt3501_Genome_Tile|1
ACGCACACTGTGTACAACAGACACAGACATCAGTAACAACGCCAACAGTAGAAGTCCAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt3521_Genome_Tile|1
GACACAGACATCAGTAACAACGCCAACAGTAGAAGTCCACGTATCAACACACAAAGCCAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt3941_Genome_Tile|1
ATTGTATTTGGTATATTATGTGTTATTGTAACACTGGGAAAGGTAACGTGTAATCGCCAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt4081_Genome_Tile|1
CCGCTTTTGCTATCTGCATCTTTATTTACAAGTTGTCTTATACTAATTATTTTATTTTGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt4101_Genome_Tile|1
TTTATTTACAAGTTGTCTTATACTAATTATTTTATTTTGGTTTGTGTGGCTACATCATT
>HPV66_Alpha_1020290_nt4121_Genome_Tile|1
TACTAATTATTTTATTTTGGTTTGTGTGGCTACATCATTTTTTTGATACTTTTATACTGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt4141_Genome_Tile|1
TTTGTGTGGCTACATCATTTTTTTGATACTTTTATACTGTTTTTACTATTTTTTTATATA
>HPV66_Alpha_1020290_nt4161_Genome_Tile|1
TTTTGATACTTTTATACTGTTTTTACTATTTTTTTTATATACCTACACTGTGTATATATTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt4721_Genome_Tile|1
ACATGTAAGTAGTACTACTATAACAAACCCACTATATATTGATCCTCCAGTAATTGAGGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt4941_Genome_Tile|1
CCCAGGTTATATAGTAGGGCTTTTTCAGCAGGTTAGGGTCACTGACCCAGCATTTTTTGGAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt5761_Genome_Tile|1
AGCTCTAGGTTGCTTGCTGTTGGCCATCCTTATTACTCTGTTTCCAAATCTGGTACCAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6121_Genome_Tile|1
GGATGTGCACCAGCATTTAGGGGAACATTGGACTAAGGGCGCGGTGTGTAAGTCTACACCA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6181_Genome_Tile|1
GGTAATACAGGGGATTGTCCACCTCTTGCATTAGTTAATACCCCGATAGAGGACGGTGAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6441_Genome_Tile|1
TGTTGGGGAAGCCATTCCCTACAGATTTGTATTGGAAGGTGGCAATGGCAGGGACCCTCC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6801_Genome_Tile|1
TATGGCATATTTGCATAATATGAATAATACTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6821_Genome_Tile|1
TGAATAAATACTTTATTAGACGATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6841_Genome_Tile|1
GATTGGAATATTGGCTTATCCCCACCAGTTGCAACTAGCTTAGAGGATAAATATAGGTAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7041_Genome_Tile|1
ATTTTTTAATGCAACTAGGCCCTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7061_Genome_Tile|1
CTAGACCCCTAGACCCAAGGCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCT

>HPV66_Alpha_1020290_nt7081_Genome_Tile|1
GCTAGTGTATCTGCCTCTAAAAGGCGGGCGGCTCCTACCTCTTCTCTTCTTACCAGCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7141_Genome_Tile|1
AAACGTAAAAAACGATAGTTGTGTGTTGTGTGTTGTATGTATTGTATGGTTGTGCTTGTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7201_Genome_Tile|1
CTGTATGTTTTTGTGTATGTTTATGTATTTTATAATTGTGTATGTGCTATGTGTATGTAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7341_Genome_Tile|1
TGCGGTAGTATCCTTGGGCAGTGTGTGTGTCAGGTTAGGTGGTGTTCCTTACTGTTTAATGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7401_Genome_Tile|1
TATATTAAATAGGTTGTTTGTATGCACTATAGTAACACACCAAACCTCCATTTTAGTGCTG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7661_Genome_Tile|1
CGCTGTTGGGCATATGTTTTTATGCAGGTGTTTGCAATATATTTTGTGGCGTGTAGCCC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7681_Genome_Tile|1
TATGCAGGTGTTTGCATATATTTTGTGGCGTGTAGCCCTTATTGTATAAGCCAAGTAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7701_Genome_Tile|1
ATTTTGTGGCGTGTAGCCCTTATTGTATAAGCCAAGTATCTGTCTTGCAAATATGTAAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7721_Genome_Tile|1
TTATTGTATAAGCCAAGTATCTGTCTTGCAAATATGTAACCATATACTTACTCATTTTAC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6481_Genome_Tile|1
CGGTTGGAGAGGACATTCCACAGGATTTGGTTTTTTAAAGGTGCTACTAAAAGTACAGTTC
>HPV55_Alpha_1020266_nt6701_Genome_Tile|1
AAACATGACAATATGTGCTGCTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6721_Genome_Tile|1
CTACAACCTCAGTCTCCATCTACAACATATAATAGTACAGAATATAAAACAATACATGCGAC
>HPV55_Alpha_1020266_nt7381_Genome_Tile|1
GTGTTATGTCTGGTGTATACAATATACAACATATGTACAGCCATGTTGTTTTATAAAACA
>HPV44_Alpha_1020242_nt6481_Genome_Tile|1
CAGTTGGTGAGGACGTTTCCAGGATCTGGTTATTAAAAGTGCTAGTAAAAATACTGTTC
>HPV44_Alpha_1020242_nt6701_Genome_Tile|1
AAACATGACAATATGTGCTGCCACTACACAGTCCCCTCCGTCTACATATACTAGTGAACA
>HPV44_Alpha_1020242_nt7381_Genome_Tile|1
TGTTCTATGTTTGGTATATATAATATATAACATATGTACAGCCATGTTAGTTTTTAAACA
>HPV44_Alpha_1020242_nt7541_Genome_Tile|1
AGCAAGCAAAATATTTAATCATCTCTGCCAGAACTTTATTATGTTACTAAGTACACACCT
>HPV38_Beta_1020234_nt0061_Genome_Tile|1
TTGGTTTATTATTTCCTGGCAACAATGGTGGTTAACAACCATCACACGTAATCGGTACAAG
>HPV38_Beta_1020234_nt0141_Genome_Tile|1
ATGAATTAAAAAACAAGGATATATTTAAGGGGCTGTAAAGCTTGGGATGTATTCA
>HPV38_Beta_1020234_nt0181_Genome_Tile|1
GTAAGCTTGGGATGTATTCATGGAACCTACCAAAACCTCAAACCTGTGCAGCAGCTCAGTGA
>HPV38_Beta_1020234_nt0201_Genome_Tile|1
TGGAACCTACCAAAACCTCAAACCTGTGCAGCAGCTCAGTGATAAGTTAACAGTTCCTGTAG
>HPV38_Beta_1020234_nt0221_Genome_Tile|1
ACTGTGCAGCAGCTCAGTGATAAGTTAACAGTTCCTGTAGAGGATCTGTTATTACCCTGT
>HPV38_Beta_1020234_nt0241_Genome_Tile|1
TAAGTTAACAGTTCCTGTAGAGGATCTGTTATTACCCTGTAGATTCTGCAACAGTTTCCT
>HPV38_Beta_1020234_nt0281_Genome_Tile|1
AGATTCTGCAACAGTTTCCTCACGTACATTGAATTACGTGAGTTTGATTACAAGAACTTA
>HPV38_Beta_1020234_nt0301_Genome_Tile|1
CACGTACATTGAATTACGTGAGTTTGATTACAAGAACTTACAGTTAATCTGGACTCAAGA
>HPV38_Beta_1020234_nt0401_Genome_Tile|1
TCTGCTCAATATGAATGTCAGCAGTTTTATGAATTAACCTGTCTTTGGCCGTGAAATTGAA
>HPV38_Beta_1020234_nt0421_Genome_Tile|1
GCAGTTTTATGAATTAACCTGTCTTTGGCCGTGAAATTGAACAGGTGGAGCAACAGACAAT
>HPV38_Beta_1020234_nt0721_Genome_Tile|1

GATATTGAAGCATCAGTGGTAGAGGAGGAGCCAGCATACACCCCATACAAAATCATAGTT
>HPV38_Beta_1020234_nt0761_Genome_Tile|1
CCCCATACAAAATCATAGTTCTTTGTGGGGTTGTGAAGTAAGGCTAAAACTATACGTGT
>HPV38_Beta_1020234_nt1341_Genome_Tile|1
AGGGTGATATAGGGCTGGGTACTGTAAGAGATCTTTTAAGGAGCAGTAACAGCAGAGCAA
>HPV38_Beta_1020234_nt1361_Genome_Tile|1
ACTGTAAGAGATCTTTTAAGGAGCAGTAACAGCAGAGCAACACTGTTAAGCAAATTTAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt1641_Genome_Tile|1
TTGTAAGACTAATAGCTACATTATTACAGGTGCATGAAAATCATATATTGTCAGAGCCAC
>HPV38_Beta_1020234_nt1741_Genome_Tile|1
AGGAAGTTTGAATAGTAATGTGTTTTGTTTTGGTGAAGCTCCTGATTGGATTCTATCACA
>HPV38_Beta_1020234_nt1961_Genome_Tile|1
AACAGCCAAGTTAAATATGTTAAAGAGTGTGCTTTAATGGTAAGATATTATAAAAGAGGA
>HPV38_Beta_1020234_nt2041_Genome_Tile|1
TTCTGCTTGGATTTCATCACTGCATATCTAAAGTTGAAGGAGAAGGCAATTGGCAGCATAT
>HPV38_Beta_1020234_nt2061_Genome_Tile|1
GCATATCTAAAGTTGAAGGAGAAGGCAATTGGCAGCATATTGTTAGGTTTATTAGATACC
>HPV38_Beta_1020234_nt2081_Genome_Tile|1
GAAGGCAATTGGCAGCATATTGTTAGGTTTATTAGATACCAAATTTGAATTTTATTATG
>HPV38_Beta_1020234_nt2101_Genome_Tile|1
TGTTAGGTTTATTAGATACCAAATTTGAATTTTATTATGTTTCTAGATAAGTTTCGGAC
>HPV38_Beta_1020234_nt2221_Genome_Tile|1
AAAGTCTATGTTTGCAATGTCACTTATTAAACTATTGAAAGGTAGTGTAGTATCTTTTGC
>HPV38_Beta_1020234_nt2241_Genome_Tile|1
CACTTATTAACTATTGAAAGGTAGTGTAGTATCTTTTGCTAATTCGAAAAGTCAATTTT
>HPV38_Beta_1020234_nt2461_Genome_Tile|1
AATTATTACTTCCAATATTAATTTATTAAAAGAGGAACGATACAGATTTTACACAGTAG
>HPV38_Beta_1020234_nt2481_Genome_Tile|1
ATTTATTAAAAGAGGAACGATACAGATTTTACACAGTAGAGTAACACAAATTGATTTTC
>HPV38_Beta_1020234_nt2741_Genome_Tile|1
CCTGGATACACAAATTCAGCATTGGCAGCTTTTAAGACAAGAGCAAATTATTTATCACTA
>HPV38_Beta_1020234_nt2781_Genome_Tile|1
GAGCAAATTATTTATCACTATGCAAGGAGACATGGTGTACTCGATTGGGCTATCAACCT
>HPV38_Beta_1020234_nt2841_Genome_Tile|1
GTACCTTCTTTGGCAAGTTTCAGAAGCCAAAGCAAAGATGCCATTTCTATGGTCCTTTTA
>HPV38_Beta_1020234_nt2861_Genome_Tile|1
AGAAGCCAAAGCAAAGATGCCATTTCTATGGTCCTTTTACTTGAAAGCCTGAAAAATC
>HPV38_Beta_1020234_nt2881_Genome_Tile|1
CCATTTCTATGGTCCTTTTACTTGAAAGCCTGAAAAATCCAAATATGCAGATGAACAAT
>HPV38_Beta_1020234_nt2921_Genome_Tile|1
CAAATATGCAGATGAACAATGGACATTAGCTCAAAGCTAGCCTGGAGGCTGTTCGCAGCCC
>HPV38_Beta_1020234_nt3061_Genome_Tile|1
CTGTGTGGACATATATATATTACCTGACAGATGAGGACATATGGGAAAAAGTGAAGGCC
>HPV38_Beta_1020234_nt3141_Genome_Tile|1
TATTATTATGAGGGCAAATTAAAGGTGTATTATTTAAATTTGAAAATGATGCTAAACGA
>HPV38_Beta_1020234_nt3401_Genome_Tile|1
AACCACCTCCCGCAGGCAAAGGAAAGGACAAAGAGAAACCACAGGCACCCAAAGGAGAAG
>HPV38_Beta_1020234_nt3461_Genome_Tile|1
AAAAAGCAGATCAAGGTCCCGAAGCACCAACAGGGGAGGGAGGGACACCCGGCGATCCTC
>HPV38_Beta_1020234_nt3801_Genome_Tile|1
AAAAAACATGCTGGTGGCTTTTCGCTTTGTTAGCACAAACATGGTCATGGATAGGAGATGCA
>HPV38_Beta_1020234_nt3841_Genome_Tile|1
GGTCATGGATAGGAGATGCATCAAATGATCGCATAGGGCGCTCACGAATGCTTCTAGCTT
>HPV38_Beta_1020234_nt3881_Genome_Tile|1
CTCACGAATGCTTCTAGCTTTTTTATTCAGAATCACAAAGAGAAAAGTTTATACAGACTAT

>HPV38_Beta_1020234_nt3961_Genome_Tile|1
AGTGGTCATTAGGACAATTTGATGATTTATAGAATAATCTATAAGAGATATTTTTTATAT
>HPV38_Beta_1020234_nt4521_Genome_Tile|1
CTGTTGTGAGTGGAGGCCGCAATACCAATGCTATATTGGAAGTGGCTGACCCTCATCCAC
>HPV38_Beta_1020234_nt4541_Genome_Tile|1
AATACCAATGCTATATTGGAAGTGGCTGACCCTCATCCACCCACTAGAGCTACTGTTAGC
>HPV38_Beta_1020234_nt4581_Genome_Tile|1
CCACTAGAGCTACTGTTAGCAGAACTCAATATAATAATCCTGCTTTCCAAATAATTTCTG
>HPV38_Beta_1020234_nt4601_Genome_Tile|1
AGAACTCAATATAATAATCCTGCTTTCCAAATAATTTCTGAAGTAATCCCTACCTCTGGA
>HPV38_Beta_1020234_nt4641_Genome_Tile|1
AAGTAATCCCTACCTCTGGAGAGTCTTCTCTTGCAGATCACGTGTTAGTGTCTGAAGGGT
>HPV38_Beta_1020234_nt4681_Genome_Tile|1
CGTGTTAGTGTCTGAAGGGTCTGGTGGCCAGCAGATAGGAGGTACCAGAACAGCAGAAGA
>HPV38_Beta_1020234_nt4801_Genome_Tile|1
GCGAAGAACTAGCACCCCTTACAAAGAGCAAGACAACAGTTTTTCATCATTACGCAGAGC
>HPV38_Beta_1020234_nt4821_Genome_Tile|1
TACAAAGAGCAAGACAACAGTTTTTCATCATTACGCAGAGCATTATATAATAGAAGGCTAA
>HPV38_Beta_1020234_nt4841_Genome_Tile|1
TTTTTCATCATTACGCAGAGCATTATATAATAGAAGGCTAACTGAGCAAGTGGGTGTCACT
>HPV38_Beta_1020234_nt4861_Genome_Tile|1
ATTATATAATAGAAGGCTAACTGAGCAAGTGGGTGTCACTGACCCTTTATTTTTTCACATC
>HPV38_Beta_1020234_nt4881_Genome_Tile|1
CTGAGCAAGTGGGTGTCACTGACCCTTTATTTTTTCACATCACCTTCCAAATTGGTGCGTT
>HPV38_Beta_1020234_nt5041_Genome_Tile|1
GGTTAAATTAGGTAGGCCAACATTAAGTCTGCAGAGGGATATGTTAGAGTGAGTCG
>HPV38_Beta_1020234_nt5061_Genome_Tile|1
CATTAAGTCTGCAGAGGGATATGTTAGAGTGAGTCGTTTGGGAAGACGGGGAACGA
>HPV38_Beta_1020234_nt5081_Genome_Tile|1
GGATATGTTAGAGTGAGTCGTTTGGGAAGACGGGGAACGATCCGAACACGCAGTGGTACA
>HPV38_Beta_1020234_nt5101_Genome_Tile|1
TTTGGGAAGACGGGGAACGATCCGAACACGCAGTGGTACACAAATAGGATCACAAAGTACA
>HPV38_Beta_1020234_nt5281_Genome_Tile|1
AAATGTGACTGAGGTTCTGAAGGTGTTCTTACAGAACTTCTATGGATCCAGATACTTT
>HPV38_Beta_1020234_nt5301_Genome_Tile|1
AAGGTGTTCTTACAGAACTTCTATGGATCCAGATACTTTTAATTCAGAGGATTTATTAC
>HPV38_Beta_1020234_nt5321_Genome_Tile|1
TCTATGGATCCAGATACTTTTAATTCAGAGGATTTATTACTGGATGATGCTATAGAAGAC
>HPV38_Beta_1020234_nt5381_Genome_Tile|1
TTCAGCGGATCTCAGTTAGTTGTAGGAACTCCACGCAGATCCACTACGTCAATCACTGTA
>HPV38_Beta_1020234_nt5401_Genome_Tile|1
TGTAGGAATCCACGCAGATCCACTACGTCAATCACTGTACCTAGATTTACAGACTCCTCA
>HPV38_Beta_1020234_nt5421_Genome_Tile|1
CCACTACGTCAATCACTGTACCTAGATTTACAGACTCCTCAAAATCCTACCATATATTATC
>HPV38_Beta_1020234_nt5441_Genome_Tile|1
CCTAGATTTACAGACTCCTCAAAATCCTACCATATATTATCAGGATATACAGGGGTATCAT
>HPV38_Beta_1020234_nt5461_Genome_Tile|1
AAATCCTACCATATATTATCAGGATATACAGGGGTATCATGTTTCATATCCCGAAAGCAG
>HPV38_Beta_1020234_nt5481_Genome_Tile|1
AGGATATACAGGGGTATCATGTTTCATATCCCGAAAGCAGAGAAAGACCCGCCATTATTT
>HPV38_Beta_1020234_nt5501_Genome_Tile|1
GTTTCATATCCCGAAAGCAGAGAAAGACCCGCCATTATTTATCCTACACCCGATATTCCT
>HPV38_Beta_1020234_nt5541_Genome_Tile|1
ATCCTACACCCGATATTCCTACAGTAGTTATACATGTTGCTGATTCTCTGGAGATTTTT
>HPV38_Beta_1020234_nt7141_Genome_Tile|1

GGCCGTTAGTAAGAAAATCTTCCAAATCTGTAAACGCAAAGGACCCAGTAACCGTTTT
>HPV37_Beta_1020226_nt0161_Genome_Tile|1
GATCTAAATAAATATGATGAGCAATACTTAAGAGAATATATGGCTAGGCCTAAGCCTCAA
>HPV37_Beta_1020226_nt0381_Genome_Tile|1
GTACTAGCTGTGCCTATGCTACAGCACAGTTTGAATTTACCAGTTTCTATGAGCACTCAG
>HPV37_Beta_1020226_nt0401_Genome_Tile|1
ACAGCACAGTTTGAATTTACCAGTTTCTATGAGCACTCAGTTAGTGGGAGGGAGATAGAA
>HPV37_Beta_1020226_nt0501_Genome_Tile|1
GCAAATTTTGCTTAAAGTTATTGGATTTGTTAGAGAAGTTGGAGACTTGCTATACTCAGC
>HPV37_Beta_1020226_nt0821_Genome_Tile|1
TTGGAATTAGATCACAAGAAGAGCTATTACTTGGTGAAGTGCAGCTGGTTTGTCCAAACT
>HPV37_Beta_1020226_nt2121_Genome_Tile|1
TCCAAGATATCAATTTTATAAGGTTTCTAGATGTCTTTAAATCATTTTTGCATAACACTC
>HPV37_Beta_1020226_nt2141_Genome_Tile|1
AGGTTTCTAGATGTCTTTAAATCATTTTTGCATAACACTCCTAAAAAGAATTGTCTTTTA
>HPV37_Beta_1020226_nt2301_Genome_Tile|1
TTTGGTTGCAGCCGTTGGCAGATACTAAATTGCTTTAATAGATGACGTCACGCATGTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt2741_Genome_Tile|1
TGACCTAGAGACCCAAATTATGCATTGGCAACTTCTAAGGCAGGAGCAGATCCTGTTTCA
>HPV37_Beta_1020226_nt2901_Genome_Tile|1
TTATTAGAAAGTTTACAACAGTCTGCTTATGGTAAAGAGTCTGGACACTTACACAAACT
>HPV37_Beta_1020226_nt3281_Genome_Tile|1
AGCTGGAGAAGGGACAGACGGGGCAGCCTCCGTCCACACCGTATCCGGGTCGCCGCTCGC
>HPV37_Beta_1020226_nt3821_Genome_Tile|1
ATGCTATCGCTATAGAGCTAAGAAAAAGCATGGAAACCTAGTTAAGTACTACAGTACCAC
>HPV37_Beta_1020226_nt3921_Genome_Tile|1
AGGTCACGCATGTTACTTGCATTTCAATCCAATACAGAAAGAGAGTTGTTTTTAAAAACT
>HPV37_Beta_1020226_nt3941_Genome_Tile|1
ATTTCAATCCAATACAGAAAGAGAGTTGTTTTTAAAAACTATGAAATTACCACCAGGAGT
>HPV37_Beta_1020226_nt4001_Genome_Tile|1
TGATTGGTCACTGGGTCATTTAGATGAATTGTGAAAACAGCTTTTTTTATAACAACTAAC
>HPV37_Beta_1020226_nt4021_Genome_Tile|1
TAGATGAATTGTGAAAACAGCTTTTTTTATAACAACTAACATTGCTTTTGCTTTTGCTAC
>HPV37_Beta_1020226_nt4041_Genome_Tile|1
CTTTTTTTATAACAACTAACATTGCTTTTGCTTTTGCTACTAACCTACTAACGTTCCAAT
>HPV37_Beta_1020226_nt4921_Genome_Tile|1
AGATTAACAGAACAGGTAGCAGTCACGGATCCTTTATTCTTGAGTAGACCCTCACAATTA
>HPV37_Beta_1020226_nt4941_Genome_Tile|1
AGTCACGGATCCTTTATTCTTGAGTAGACCCTCACAATTAGTACAGTTTCAGTTTGACAA
>HPV37_Beta_1020226_nt5101_Genome_Tile|1
AGACCTACTGTTGCTGAAACACCACAAGCGTATTTAAGAGTAAGCAGATTAGGACGTCGT
>HPV37_Beta_1020226_nt5121_Genome_Tile|1
ACCACAAGCGTATTTAAGAGTAAGCAGATTAGGACGTCGTGCTACCATCCGTACTCGTAG
>HPV37_Beta_1020226_nt5301_Genome_Tile|1
TGTAGAAAGTTCATTTGTTGATATAAATATTGATGAACCAGGTCCCTTAAATATAGGGCA
>HPV37_Beta_1020226_nt5321_Genome_Tile|1
ATATAAATATTGATGAACCAGGTCCCTTAAATATAGGGCAACAAGAGTCTACTATGGCAG
>HPV37_Beta_1020226_nt5341_Genome_Tile|1
GGTCCCTTAAATATAGGGCAACAAGAGTCTACTATGGCAGATGACACAGATTTTAATTCT
>HPV37_Beta_1020226_nt5361_Genome_Tile|1
ACAAGAGTCTACTATGGCAGATGACACAGATTTTAATTCTGCAGATTTATTGTTAGAGGA
>HPV37_Beta_1020226_nt5441_Genome_Tile|1
GATCTCAGTTGGTTTTTTGGAACCTCACGCCGAGTACAAATTCTATCACAATACCTAGAT
>HPV37_Beta_1020226_nt5521_Genome_Tile|1
GGATTTTATATACAAGATATTCAAGGTTACAATGTAGCCTATCCTGAGTCACGTGACACA

>HPV37_Beta_1020226_nt5541_Genome_Tile|1
TCAAGGTTACAATGTAGCCTATCCTGAGTCACGTGACACAACACAAGTTATCTTGCCACA
>HPV36_Beta_1020218_nt0121_Genome_Tile|1
ATATACTGTATAGTATAAATAAATAAATAAATATATATATATATGCTTCAAAGGTTGGGT
>HPV36_Beta_1020218_nt0141_Genome_Tile|1
AAATAAATAAATATATATATATATGCTTCAAAGGTTGGGTTTTTTAATAATTAAGGCAAA
>HPV36_Beta_1020218_nt0161_Genome_Tile|1
ATATGCTTCAAAGGTTGGGTTTTTTAATAATTAAGGCAAATGGCAGAGCAAGCCTCCGAA
>HPV36_Beta_1020218_nt0181_Genome_Tile|1
TTTTTAATAATTAAGGCAAATGGCAGAGCAAGCCTCCGAACAGCAGAATATTACAGAAAA
>HPV36_Beta_1020218_nt0201_Genome_Tile|1
TGGCAGAGCAAGCCTCCGAACAGCAGAATATTACAGAAAAAGAAAAAGAACAGCTGCCTT
>HPV36_Beta_1020218_nt0281_Genome_Tile|1
GAATCATTTAGGCATTCCTGTTGTAGACTGTCTAATACCTTGTAACCTTTGTGGCAAATTT
>HPV36_Beta_1020218_nt0501_Genome_Tile|1
TGGCTGCAGGTCGCTCCATATTTGAAATTGACATTAGGTGTCAGACGTGCTTAGCTTTTC
>HPV36_Beta_1020218_nt2061_Genome_Tile|1
AAAAGGTCAAATGAGGGATATGTCCATGTTCGGAATGGATCTATACTAAAATACATGAGGT
>HPV36_Beta_1020218_nt2381_Genome_Tile|1
TGATTGATGATGTAACGTACCCCTGTTGGTTATATATGGATAAATTATCTAAGAAACGGTT
>HPV36_Beta_1020218_nt2401_Genome_Tile|1
CCCTGTTGGTTATATATGGATAATTATCTAAGAAACGGTTTAGATGGGCATTATGTCTCA
>HPV36_Beta_1020218_nt2421_Genome_Tile|1
TAATTATCTAAGAAACGGTTTAGATGGGCATTATGTCTCATTGGATTGTAAATACAAAGC
>HPV36_Beta_1020218_nt2961_Genome_Tile|1
AAACGTCTGAATATGCATCTGAAACTTGGACATTAGTTGACACCAGTATAGAACTTTTA
>HPV36_Beta_1020218_nt3101_Genome_Tile|1
TTGTACACTATGTGGACATACGTGTATTATATGGAAGACGATGTGTGGCATAAAGCCAGA
>HPV36_Beta_1020218_nt3621_Genome_Tile|1
AGACTGGGGTCCAGCGGTATCAACCAGATCACGATCCAGAAGCACCTCTAGAAGGGGAG
>HPV36_Beta_1020218_nt3641_Genome_Tile|1
TCAACCAGATCACGATCCAGAAGCACCTCTAGAAGGGGAGGTAGAAGGCGGAGGTCACGG
>HPV36_Beta_1020218_nt4201_Genome_Tile|1
GAAAGGAGTTGAAAAATCATATGGCAACCTTGACAGTCTCTAACCCTAATGCTATGCTG
>HPV36_Beta_1020218_nt4241_Genome_Tile|1
TAACCCTAATGCTATGCTGCTTTGCTACTAACAACCTAACAATTAGCTTTTTTATACT
>HPV36_Beta_1020218_nt4261_Genome_Tile|1
CTTTGCTACTAACAACCTAACAATTAGCTTTTTTATACTTTTTTACTTTTGTACCTGCA
>HPV36_Beta_1020218_nt4281_Genome_Tile|1
ACAAATTAGCTTTTTTATACTTTTTTACTTTTGTACCTGCAATGGCGCGTGCTAAAAGGGT
>HPV36_Beta_1020218_nt4941_Genome_Tile|1
AGTGACATCAGGGTCCGGGGGACAAAGAATAGGGGCTGATATTACTGATGAAATTGAACT
>HPV36_Beta_1020218_nt4961_Genome_Tile|1
GACAAAGAATAGGGGCTGATATTACTGATGAAATTGAACTTCAAGAACTTCCTAGTAGAT
>HPV36_Beta_1020218_nt5021_Genome_Tile|1
ATACTTTTGAAAAATGAAGAACCAACTCCACCTAGACGTAGCAGCACACCTTTACAGGCCA
>HPV36_Beta_1020218_nt5041_Genome_Tile|1
CCAACCTCCACCTAGACGTAGCAGCACACCTTTACAGGCCACACGAGCTGCAGGTAGACGG
>HPV36_Beta_1020218_nt5061_Genome_Tile|1
CAGCACACCTTTACAGGCCACACGAGCTGCAGGTAGACGGAGAGGTGTTTCTTTAACTAA
>HPV36_Beta_1020218_nt5301_Genome_Tile|1
GGGTGCTCCCAATATTCTACAACCTCCTGCAGGGTATGTGAGGGTTAGTAGATTAGGTAC
>HPV36_Beta_1020218_nt5321_Genome_Tile|1
CAACTCCTGCAGGGTATGTGAGGGTTAGTAGATTAGGTACTCGTGCAACCATTTCGCACGC
>HPV36_Beta_1020218_nt5521_Genome_Tile|1

TTTATAGACGTAAATGTGTCTGAAAATCCTTTGTCTGAAAGTGTGGAAGCCTTTTCTGAT
>HPV36_Beta_1020218_nt5681_Genome_Tile|1
CTACTAGGAGTGGTTCTTATTATGTCCAGGACAGTAAAGGATATTATGTTGCATACCCAG
>HPV36_Beta_1020218_nt7401_Genome_Tile|1
GAGGGTTCACCAGAGGAACCAAGCGCAAGCGAAAACAGTAATATGACCGTTTTTGGTACA
>HPV36_Beta_1020218_nt7561_Genome_Tile|1
CTGCTGCCAATATAGACTCTGTTTAGTGCCAGAACATATCATCTTGAAGCAGATCGACC
>HPV36_Beta_1020218_nt7661_Genome_Tile|1
GAAGATTTAATCTACAATCGCTGTTGGCAATCGCTTTTGGCTGAGATAGCTGACCGGTAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt1261_Genome_Tile|1
TTGCGAGACGGGTGATCAAAATGGCCGACAGCAGTATAAGGAGGGGAGTGGTACAAAGGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt1861_Genome_Tile|1
ACAGACAATGGTAGGTCACGCATTACAAGAAGTACAGTTCAGTTTATCTGAAATGGTACA
>HPV29_Alpha_1020210_nt3881_Genome_Tile|1
GTCTGTGTTTTGACTACTGTGCCACAACGTGTAGCAGCCTGGATTTTTATCTGTGTCGAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt4001_Genome_Tile|1
CGCTTACTTGCTACTTGGCCATTGTGTTGTGTTTATACCTAGGATTGGTGGCACTATATT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4041_Genome_Tile|1
AGGATTGGTGGCACTATATTTACAAGTTGTGCAGCACATTGCACGAAACACTTAGGCTAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4061_Genome_Tile|1
TACAAGTTGTGCAGCACATTGCACGAAACACTTAGGCTATCATGTATCCTATAATAATTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt4161_Genome_Tile|1
AAGGGACGTGTATGTGTTGGGATTGTTAATACTAATGGTATGCCTGTTGTTATTTATAGT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4281_Genome_Tile|1
TTTTATATGTGGCTGTGGTAATACGTGTATTGTATACATGGCCATACAATTGTGCATGTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt4301_Genome_Tile|1
ATACGTGTATTGTATACATGGCCATACAATTGTGCATGTGTTTTTAAAGTTCTACCACTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4321_Genome_Tile|1
GCCATACAATTGTGCATGTGTTTTTAAAGTTCTACCACTTTTTTTGTGTTTTTTGTGTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4341_Genome_Tile|1
TTTTTAAAGTTCTACCACTTTTTTTGTGTTTTTTGTGTTTCCTTTGTTTTTACAGTTCAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt4881_Genome_Tile|1
CTTTAATAATCCTTTATTACCGAGCCTTCACTCTTGGAATTCACAAACTGGAGAAAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt5601_Genome_Tile|1
CACTATTCCATTTCGTGTCGCCAGTTGATGTGCCTTTACACACGGGCCCTGATATTATTCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6581_Genome_Tile|1
GCCAGGCACTTCTTTAATCGTGCTGGTGTAGTAGGGGACAAAATCCCAGATTCTTGTAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6621_Genome_Tile|1
AAATCCCAGATTCTTGTACTTAAAGGGTAACAACGGGCGAGAAACTCCTGGCAGTGCCA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6841_Genome_Tile|1
GTTGTGTGCTACCACAGAGTCTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTACCAAGATTAAAGA
>HPV29_Alpha_1020210_nt6861_Genome_Tile|1
CTCAACCGTTGACCACTTATGATGCTACCAAGATTAAAGAATATTTGAGACATGGGGAGG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6981_Genome_Tile|1
CTTACCTTCATACTATGAACAGTGCCTTACTTGAAGACTGGAATTTTGGATTGACATTGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt7221_Genome_Tile|1
TATTACAGATCGGTGCGCGCCGGCGTTTCACTAGTCCCCTCCAGAAAGCGCCGAACGACCA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7261_Genome_Tile|1
CAGAAAGCGCCGAACGACCACGCCCCCACCCTGCAAAGCGAAACGCTCGAAAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7341_Genome_Tile|1
TGCTGTATGTTGTGTAATGTAATGTGTGTATGTATTTATTACCATATGTGTTTGTATGTC
>HPV29_Alpha_1020210_nt7481_Genome_Tile|1
TATTTTATACATATAATTGTTTGTGAGTAAGAAGTTAAGGTATAGGTCAGGGGACCGAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt0081_Genome_Tile|1
ACATTGAATGGCAGAAGCTCAATGGATGACCAACGGCCTAAAAACATATTCCTATTGTGC

>HPV28_Alpha_1020202_nt0141_Genome_Tile|1
AGAGACAGTGGAAATATCATTTGATGACCTCCGTTTGCCTGTCATATTCTGCGCCAAAGTG
>HPV28_Alpha_1020202_nt0161_Genome_Tile|1
TGATGACCTCCGTTTGCCTGTCATATTCTGCGCCAAAGTGCTGACCACAGCGGAGCTATC
>HPV28_Alpha_1020202_nt2281_Genome_Tile|1
TTTCTGTCATGAGTCTATTAAGATTTCTAGGTGGGGTGGTAATATCTTATGCCAATTCAAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt3801_Genome_Tile|1
CCACCTGGTATACAGGTAATATTGGGACATATGTCAATGTTTGTATAATTATCGAACCGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt3821_Genome_Tile|1
ATTGGGACATATGTCAATGTTTGTATAATTATCGAACCGTGTGGTGATACAGTGTGCAGA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4021_Genome_Tile|1
TTTGCGAATTGTATCACATATTGTACAAATCAATACATAAGCCTTGCTATGTATCCTTTG
>HPV28_Alpha_1020202_nt4041_Genome_Tile|1
TTGTACAAATCAATACATAAGCCTTGCTATGTATCCTTTGGTGCTAAGGGACAACAATGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt4101_Genome_Tile|1
CGATCATACTGTCCGTGTTTCTGGAGCCAGATGACGTGTATCTATTGTTGTTGTTTATATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4161_Genome_Tile|1
TTTTGTTATACTTGCATTGTTTATCTTGTATAGACATTTGGGTTTTTTGTAACTGTGTAG
>HPV28_Alpha_1020202_nt4181_Genome_Tile|1
TTATCTTGTATAGACATTTGGGTTTTTTGTAACTGTGTAGTTGTGTGTTAGTTGGTCACC
>HPV28_Alpha_1020202_nt4201_Genome_Tile|1
GGTTTTTTGTAACTGTGTAGTTGTGTGTTAGTTGGTCACCACAATGTATTTTTTAAGTACT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4221_Genome_Tile|1
TTGTGTGTTAGTTGGTCACCACAATGTATTTTTTAAGTACTGTGTATATCCCAGTGTGCTA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4261_Genome_Tile|1
GTGTATATCCCAGTGTGCTATTGAGCCACTGCCTTTTCTACACTTGTTTTTTTTTTTTTAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt4781_Genome_Tile|1
TGACAATGTGGTCATTAGTAGTTCCAACCTTACCAACCCTGCCTTTACTGAACCCTCGTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4801_Genome_Tile|1
GTTCCAACCTTACCAACCCTGCCTTTACTGAACCCTCGTTGTTAGAGGTCCCCAAAATG
>HPV28_Alpha_1020202_nt5341_Genome_Tile|1
ACATTGAAATGGAGCCTTTGCTTGCTCCTGCTGAAAACGCTGCTGGGGATTCTATTTATG
>HPV28_Alpha_1020202_nt5421_Genome_Tile|1
GACGCTGACATAGCTTTTACTGGTAGAAGTCGCAGCGCCACGTCATCTCGGGGATACACT
>HPV28_Alpha_1020202_nt5441_Genome_Tile|1
TGGTAGAAGTCGCAGCGCCACGTCATCTCGGGGATACACTACGGTGTCCCCACTGTCTTC
>HPV28_Alpha_1020202_nt5461_Genome_Tile|1
CGTCATCTCGGGGATACACTACGGTGTCCCCACTGTCTTCCACACTAACTACCAAGTATG
>HPV28_Alpha_1020202_nt5881_Genome_Tile|1
CCTTATTTTCCCATTCCCTAAATCATCCACTAACAAAGCAGATGTGCCCCAAAGTGTCCGCC
>HPV28_Alpha_1020202_nt5901_Genome_Tile|1
ATCATCCACTAACAAAGCAGATGTGCCCCAAAGTGTCCGCCTTTCAGTATAGGGTATTCCG
>HPV28_Alpha_1020202_nt6521_Genome_Tile|1
ATAGAGCTGGTGTGCTGGGGACACCATTCCTGAAACATTGTATATTAAAGGTCAGGGCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt6541_Genome_Tile|1
GACACCATTCCTGAAACATTGTATATTAAAGGTCAGGGCAACGGGAGGGATGTGATTGGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7101_Genome_Tile|1
TTCTCTTGATCTATCGCAATTCCCTCTGGGAAGGAAATTTTTAATGCAGTTGGGTGTAGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt7241_Genome_Tile|1
AAAAGTAGCACTACTGTGTTTTGTATGTTTGCCTGTTGTTGTCTGTGTGTCAGTGTATG
>HPV28_Alpha_1020202_nt7281_Genome_Tile|1
GTCCTGTGTGTCAGTGTATGGGCGTCCCTGATATGTGTTTGTACAAAGTATGGTGTATGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7341_Genome_Tile|1
ATTTGTGTATGCATGTAATGTGGTTATAACTGTGTTTTGTATGTTTGCTGTTGTTGTCC
>HPV28_Alpha_1020202_nt7381_Genome_Tile|1

ATGTTTGCCTGTTGTTGTCCTGTGTGTCAGTGTGTGGGCGTCCTGCTATGTGCTTGTACA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7401_Genome_Tile|1
TGTGTGTCAGTGTGTGGGCGTCCTGCTATGTGCTTGTACAAAGTATGGTGTATGTATTTG
>HPV28_Alpha_1020202_nt7661_Genome_Tile|1
CTGCAAACCTGCCCTGTCTCGCAAGTTTTTGGCTGTGATACTATCTTTCTATAGTTTATT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7681_Genome_Tile|1
GCAAGTTTTTGGCTGTGATACTATCTTTCTATAGTTTATTTTCATTTGCTGTATCATTCTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7701_Genome_Tile|1
CTATCTTTCTATAGTTTATTTTCATTTGCTGTATCATTCTTTCTGGCACGTCAAAATGTCT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7900_Genome_Tile|1
CTGCTTGCTTTCTAGCCATAAAATTAAGCAGTTGCTACACGTTTCTTTCCAACTATAATTA
>HPV23_Beta_1020186_nt0201_Genome_Tile|1
TGCAGACTGTGCATTATTTAAGTAGGATGTGCTACACCAAATTATTGATGGACTCGACGC
>HPV23_Beta_1020186_nt0301_Genome_Tile|1
ACCAGTGGTAGATCTCTTGCTACCTTGCGAGATTTTGTTCTAGGTTTCTTACCTATTTAGA
>HPV23_Beta_1020186_nt0341_Genome_Tile|1
AGGTTTCTTACCTATTTAGAGTTGCGAGAATTTGATTATAAACATTTGCAGTTAATCTGG
>HPV23_Beta_1020186_nt0461_Genome_Tile|1
GAAATTCAACAATTTTATCAGCTAACTGTGTATGGTCGTGAAATTGAGCAGGAGGAGCAA
>HPV23_Beta_1020186_nt0801_Genome_Tile|1
TCCTTACAAGATCATCGTAGTTTGTGGAGGCTGTGAGACACAGTTAAAGCTTTACGTGCT
>HPV23_Beta_1020186_nt0841_Genome_Tile|1
CAGTTAAAGCTTTACGTGCTAGCCACAGATTTTGAATTCGCTCGTTCCAAGCATCTTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt0861_Genome_Tile|1
AGCCACAGATTTTGAATTCGCTCGTTCCAAGCATCTTTGCTAGAAAACGTGAAGCTGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt0881_Genome_Tile|1
GCTCGTTCCAAGCATCTTTGCTAGAAAACGTGAAGCTGGTGTGTCCTGCCTGTCGAGAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt0981_Genome_Tile|1
AAGAAGGCTGTAGTACTTGGTGCTTATTAGAGGCTGCTTGTTCTGATGATAGTGACCTAG
>HPV23_Beta_1020186_nt1001_Genome_Tile|1
TGCTTATTAGAGGCTGCTTGTTCTGATGATAGTGACCTAGATGATAGTTGGAGAAATTA
>HPV23_Beta_1020186_nt1421_Genome_Tile|1
TTGTTAAGATGTAAAAATGCTAAAGCAGTGTTGCTACATAAATTTAAGGAAGGTTTTGGA
>HPV23_Beta_1020186_nt1441_Genome_Tile|1
TAAAGCAGTGTGCTACATAAATTTAAGGAAGGTTTTGGAATTAGTTATAATGAGCTTAC
>HPV23_Beta_1020186_nt1461_Genome_Tile|1
AATTTAAGGAAGGTTTTGGAATTAGTTATAATGAGCTTACCAGACAGTTTAAAAGCAATA
>HPV23_Beta_1020186_nt1481_Genome_Tile|1
ATTAGTTATAATGAGCTTACCAGACAGTTTAAAAGCAATAAGACCTGCTGTAAACATTGG
>HPV23_Beta_1020186_nt1561_Genome_Tile|1
AAAAGAAGAGCTCATAGATGCGTCTAAGCAATTGTTACAACAGCACTGTCTTATATTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt1601_Genome_Tile|1
CAGCACTGTTCTTATATTTGGTTGCAGACATACACACCTATGTCACTTTATTTATGTTGC
>HPV23_Beta_1020186_nt1661_Genome_Tile|1
TTTAATGTTGCAAAAAGTAGAGAAACAGTTGTAAAATTATTGATTTCTATGCTGCAATA
>HPV23_Beta_1020186_nt1681_Genome_Tile|1
AGAAACAGTTGTAAAATTATTGATTTCTATGCTGCAAAATACATGAAAATCATATATTATC
>HPV23_Beta_1020186_nt1701_Genome_Tile|1
TGATTTCTATGCTGCAAAATACATGAAAATCATATATTATCAGAACCTCCGAAAAACAGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt1921_Genome_Tile|1
TAATGATCATCTTGACGAATGTAGTATTGCTTATAACTATGCAAAATTGGCTGACACAGA
>HPV23_Beta_1020186_nt2061_Genome_Tile|1
AAAGAGGTGAAATGCGAGAAATGACTATTTCTGCATGGGTACATCATTGCATATCTAGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt2081_Genome_Tile|1
ATGACTATTTCTGCATGGGTACATCATTGCATATCTAGAATTGAAGGTGATGGACAATGG

>HPV23_Beta_1020186_nt2141_Genome_Tile|1
CAAGATATTGTTAAATTTTTGCGCTATCAGGGATTAACTTCATTGTATTTTAGATAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt2161_Genome_Tile|1
GCGCTATCAGGGATTAACTTCATTGTATTTTAGATAAAATTTAGAACGTTTTTACAGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt2501_Genome_Tile|1
CCACCATTAATTATTACATCTAATATTAGCCTTAAGAAAGAAAAGAAGTTTCCTTACTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt2521_Genome_Tile|1
TAATATTAGCCTTAAGAAAGAAAAGAAGTTTCCTTACTTGCATAGTAGAATATATGAATT
>HPV23_Beta_1020186_nt2801_Genome_Tile|1
AATACAGCATTGGAACTCTTAAGACAAGAACAAATTTTATTGTATTATGCTCGAAAACG
>HPV23_Beta_1020186_nt3201_Genome_Tile|1
GGCCAACTTAAAACTATTACATTAAATTTGAAGCAGATGCAAAGCGCTTTGGTACTACA
>HPV23_Beta_1020186_nt3621_Genome_Tile|1
TCCAGATCAAGATCCAGATCACCAGAGTCTGTTACAGGGGTGGCGTTGCACCTAGTGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt3861_Genome_Tile|1
TCATGGATTGGGGTTCATTCTACTGATAGAGTAGGGCGTGCAAGGATGTTAATAGCATTT
>HPV23_Beta_1020186_nt3881_Genome_Tile|1
TACTGATAGAGTAGGGCGTGCAAGGATGTTAATAGCATTTCTATTCTAATCATGAAAGGGA
>HPV23_Beta_1020186_nt3901_Genome_Tile|1
CAAGGATGTTAATAGCATTTCTATTCTAATCATGAAAGGGAAAAATGTATTCAAGAAATGA
>HPV23_Beta_1020186_nt3921_Genome_Tile|1
CATTCTAATCATGAAAGGGAAAAATGTATTCAAGAAATGAAGTTACCTTTAGGAGTAGAT
>HPV23_Beta_1020186_nt3941_Genome_Tile|1
AAAATGTATTCAAGAAATGAAGTTACCTTTAGGAGTAGATTGGTCCTATGGACAATTTGA
>HPV23_Beta_1020186_nt4021_Genome_Tile|1
ATTTAACACACTAACATTGCCTATTGCTATTTTTTTACTAACTTATATTGCTATATTGCT
>HPV23_Beta_1020186_nt4081_Genome_Tile|1
ACTAACATTATGGTACGGGCGCAAAGAACTAAGCGAGCGTCTGTACTGATATATACAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt4261_Genome_Tile|1
GGTACAGGTAAGGTACCGGTGGTGCCACGGGTACGTCCCATTGCGACCTGGAGTACGA
>HPV23_Beta_1020186_nt4481_Genome_Tile|1
AAGCAGAACTATTGCAGAGGTACATCCTACACCTGTAGACATAGGAATTGATACACCTA
>HPV23_Beta_1020186_nt4501_Genome_Tile|1
GTACATCCTACACCTGTAGACATAGGAATTGATACACCTATTGTAGCTGGAGGCCGTGAC
>HPV23_Beta_1020186_nt4541_Genome_Tile|1
TTGTAGCTGGAGGCCGTGACGCCATTTTAGAGGTGGTAGATACTAATCCTCCAACAAGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt4561_Genome_Tile|1
GCCATTTTAGAGGTGGTAGATACTAATCCTCCAACAAGGTTCAAGTGAACAAGAACACAA
>HPV23_Beta_1020186_nt4641_Genome_Tile|1
AATAATTTCAGAATCCACACCTATCACAGGTGAGGCATCCCTTGCTGATCATGTATTTGT
>HPV23_Beta_1020186_nt4681_Genome_Tile|1
CTTGCTGATCATGTATTTGTGTTTGAAGGTTCTGGAGGTCAGCACGTAGGAGCGGTAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt4701_Genome_Tile|1
GTTTGAAGGTTCTGGAGGTCAGCACGTAGGAGCGGTAACCTGAAGAGATTGAATTAGATAC
>HPV23_Beta_1020186_nt4741_Genome_Tile|1
GAAGAGATTGAATTAGATACATATCCTTCCAGATATTCCTTTGAAATTGAGGAAGCTACA
>HPV23_Beta_1020186_nt4801_Genome_Tile|1
CCACCACGCAGAACTAGTACTCCCATTTGAAAGAATAAGTCAGGAATTCAGGAACCTACGT
>HPV23_Beta_1020186_nt4821_Genome_Tile|1
TCCCATTTGAAAGAATAAGTCAGGAATTCAGGAACCTACGTAGAGCACTGTATAACAGGCG
>HPV23_Beta_1020186_nt4881_Genome_Tile|1
CTTAACAGAACAGGTTCAAGTAAAAAACCCCTTTATTTTTTAACTACTCCATCTAACTTGT
>HPV23_Beta_1020186_nt5021_Genome_Tile|1
CTCCAGATAGGGACTTTTTTAGATATAGACAGATTAGGAAGACCATTATTAACAGAATCCA
>HPV23_Beta_1020186_nt5041_Genome_Tile|1

GATATAGACAGATTAGGAAGACCATTATTAACAGAATCCACTGAAGGCCGTATTAGATTA
>HPV23_Beta_1020186_nt5061_Genome_Tile|1
ACCATTATTAACAGAATCCACTGAAGGCCGTATTAGATTAAGTAGGTTAGGTCAAAGGGC
>HPV23_Beta_1020186_nt5121_Genome_Tile|1
TTCCATTCAAACACGCAGTGAACACGTGTTGGTTCACGTGTACACTTCTATACAGATTT
>HPV23_Beta_1020186_nt5141_Genome_Tile|1
GAACACGTGTTGGTTCACGTGTACACTTCTATACAGATTTAAGCACTATTAATACAGAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt5161_Genome_Tile|1
GTACACTTCTATACAGATTTAAGCACTATTAATACAGAAGAACCTATAGAATTAGAATTA
>HPV23_Beta_1020186_nt5201_Genome_Tile|1
AACCTATAGAATTAGAATTATTAGGCGAGCATTCCTGGAGATGCATCAGTTATTGAGGAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt5221_Genome_Tile|1
TTAGGCGAGCATTCCTGGAGATGCATCAGTTATTGAGGAACCTCTGCAAAGCACTGTAATA
>HPV23_Beta_1020186_nt5241_Genome_Tile|1
TGCATCAGTTATTGAGGAACCTCTGCAAAGCACTGTAATAGATATGAACTTAGATGATGT
>HPV23_Beta_1020186_nt5281_Genome_Tile|1
GATATGAACTTAGATGATGTTGAGGCTATTCAGGATACTATAGATACTGCAGATGATTAT
>HPV23_Beta_1020186_nt5301_Genome_Tile|1
TGAGGCTATTCAGGATACTATAGATACTGCAGATGATTATAACTCTGCAGATCTTTTATT
>HPV23_Beta_1020186_nt5321_Genome_Tile|1
TAGATACTGCAGATGATTATAACTCTGCAGATCTTTTATTGGACAATGCAATTGAAGAAT
>HPV23_Beta_1020186_nt5341_Genome_Tile|1
AACTCTGCAGATCTTTTATTGGACAATGCAATTGAAGAATTTAATAATTCTCAATTAGTG
>HPV23_Beta_1020186_nt5381_Genome_Tile|1
TTAATAATTCTCAATTAGTGTTTGGCACTTCTGATAGATCTTCGTCTGCATATTCTATAC
>HPV23_Beta_1020186_nt5461_Genome_Tile|1
GAAACAATTGTATATGTTCAAGATATAGAAGGTAATCAGGTAATTTATCCTGGGCCACACA
>HPV23_Beta_1020186_nt5481_Genome_Tile|1
AGATATAGAAGGTAATCAGGTAATTTATCCTGGGCCACAGAAAGGCCAACTATAATATT
>HPV23_Beta_1020186_nt5521_Genome_Tile|1
GAAAGGCCAACTATAATATTTCCCTTACCTAGTGCCCCTGCTGTAGTCATACACACATTG
>HPV23_Beta_1020186_nt5541_Genome_Tile|1
TCCCTTACCTAGTGCCCCTGCTGTAGTCATACACACATTGGACAAGTCTTTTGATTATTA
>HPV23_Beta_1020186_nt5561_Genome_Tile|1
CTGTAGTCATACACACATTGGACAAGTCTTTTGATTATTACTTACATCCCAGCTTAAGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt5981_Genome_Tile|1
ATCGGCCGCGGCCAACCTTTAGGGGTCGGCAGTACAGGACACCCGCTATTTAATAAGCTC
>HPV23_Beta_1020186_nt6001_Genome_Tile|1
AGGGGTCGGCAGTACAGGACACCCGCTATTTAATAAGCTCCGTGATGCAGAAAATTCTAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6021_Genome_Tile|1
ACCCGCTATTTAATAAGCTCCGTGATGCAGAAAATTCTAGTGAACGTCAGGAAGGTACTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6041_Genome_Tile|1
CGTGATGCAGAAAATTCTAGTGAACGTCAGGAAGGTACTGTAGATGACAGAAGAAATATC
>HPV23_Beta_1020186_nt6181_Genome_Tile|1
CTGTAAAGATGCAGGTAGCCAACCTAGGGTGTGTCCCTCTTTAGAATTAAAAACAGTGT
>HPV23_Beta_1020186_nt6501_Genome_Tile|1
AATATTATTACCTGCAGACCAACAAACACTTTAGAAAACCTCACTTTATTTTCCTACTG
>HPV23_Beta_1020186_nt6681_Genome_Tile|1
ATAATACACGTAATACAACTTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGT
>HPV23_Beta_1020186_nt6701_Genome_Tile|1
TTTAGTATCAGTGTTACCAATGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAGA
>HPV23_Beta_1020186_nt6721_Genome_Tile|1
TGACAGCAGTTTAGAAAAGTATGATGCCACTAAAATTAGAGAGTTTACAAGACATGTTGA
>HPV23_Beta_1020186_nt6741_Genome_Tile|1
ATGATGCCACTAAAATTAGAGAGTTTACAAGACATGTTGAAGAATACCAACTTTCTTTTA

>HPV23_Beta_1020186_nt6761_Genome_Tile|1
GAGTTTACAAGACATGTTGAAGAATACCAACTTTCTTTTATACTACAGTTGTGCAGGATA
>HPV23_Beta_1020186_nt6781_Genome_Tile|1
AGAATACCAACTTTCTTTTATACTACAGTTGTGCAGGATACCTTTAAAGGCCGAGGTCTT
>HPV23_Beta_1020186_nt7041_Genome_Tile|1
TGTCTCTAGACCTAGATCAATATCCCTTAGGCCGTAAGTTTCTGTTTCAAATTGGAGTGC
>HPV23_Beta_1020186_nt7061_Genome_Tile|1
TATCCCTTAGGCCGTAAGTTTCTGTTTCAAATTGGAGTGCAGCGTGTACGGTCCGGTACC
>HPV23_Beta_1020186_nt7101_Genome_Tile|1
AGCGTGTACGGTCCGGTACCAAACGGCTGCAACTCGAAAAGTGACCAAAACTGTCAAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt7141_Genome_Tile|1
AGTGACCAAAACTGTCAAAAGGAAAAAGTGCAATTGTAACCGATATCGGTCCGCAATAA
>HPV22_Beta_1020178_nt0161_Genome_Tile|1
GTGGTAATTTATGCACTGCTTGCAATATTATTTAAGTAGGATGGGCTGCTATTCTGTATTC
>HPV22_Beta_1020178_nt0181_Genome_Tile|1
TGCATATTATTTAAGTAGGATGGGCTGCTATTCTGTATTCTATGGCTTTGCAAAGACCACT
>HPV22_Beta_1020178_nt0301_Genome_Tile|1
TAGATTCTGCAGTAGGTTTTTAACCTATTGGAATTGCGGCAATTTGATTATAAGAATTT
>HPV22_Beta_1020178_nt0361_Genome_Tile|1
GCAATTAATTTGGACAGACGAGGACTTTGTGTTTGCATGTTGCAGCGGCTGTGCCTACGC
>HPV22_Beta_1020178_nt0481_Genome_Tile|1
GCAAGAAGAACAACGACCTGTAGGCCAAATTTATATGAGATGTCAATATTGCTTGAAGTC
>HPV22_Beta_1020178_nt0781_Genome_Tile|1
ACTCCTTACAAGATTGTAGTATATTGTGGGGGTTGTGATACAAAGCTGAAGCTGTATATA
>HPV22_Beta_1020178_nt0801_Genome_Tile|1
ATATTGTGGGGTTGTGATACAAAGCTGAAGCTGTATATACTAGCAACTCTCTCTGGAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt0821_Genome_Tile|1
CAAAGCTGAAGCTGTATATACTAGCAACTCTCTCTGGAATTCGCGACTTCAAACATCTC
>HPV22_Beta_1020178_nt1401_Genome_Tile|1
CCAGTTTGTAAAGATGCAACAATGTAAAGGCAGTATTGCTGGGAAAATTTAAAGACGCAT
>HPV22_Beta_1020178_nt1421_Genome_Tile|1
AATGTAAAGGCAGTATTGCTGGGAAAATTTAAAGACGCATTTGGAGTGAGCTATAATGAG
>HPV22_Beta_1020178_nt1441_Genome_Tile|1
GGGAAAATTTAAAGACGCATTTGGAGTGAGCTATAATGAGCTGACTAGACAATTTAGAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt1461_Genome_Tile|1
TTGGAGTGAGCTATAATGAGCTGACTAGACAATTTAGAAGTAATAAGACTTGCTGTAAGC
>HPV22_Beta_1020178_nt1661_Genome_Tile|1
AGTAGAGAACTGTGATGCGATTGTTATCTTCCATGTTACAAGTTAATGAGAATCATATT
>HPV22_Beta_1020178_nt1681_Genome_Tile|1
ATTGTTATCTTCCATGTTACAAGTTAATGAGAATCATATTTTATCAGAACCTCCAAAAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt1701_Genome_Tile|1
AAGTTAATGAGAATCATATTTTATCAGAACCTCCAAAAATCAGAAGTATGATAGCTGCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt1901_Genome_Tile|1
TATGATCAAGATTATGTTGATGAATGTACTATTGCATACCAGTATGCTAGATTGGCTGAT
>HPV22_Beta_1020178_nt2061_Genome_Tile|1
GAGATATGTCAATTTCTGCATGGATACATCATTGTATATCAAAGATAGAAGGCGATGGTC
>HPV22_Beta_1020178_nt2141_Genome_Tile|1
TTTTTGCGATACCAAGGGTTAAATTTTATAGTGTTTTTTAGATAAAATTTAGAACATTTCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt2481_Genome_Tile|1
AATTTCCACCTCTTATTATAACATCTAACATTAGTTTAAAAAAGAAAAAAATTTCCCT
>HPV22_Beta_1020178_nt2501_Genome_Tile|1
ACATCTAACATTAGTTTAAAAAAGAAAAAAATTTCCCTATTTACATAGTAGAATATAT
>HPV22_Beta_1020178_nt2561_Genome_Tile|1
GAATTTGAGTTTCCTAACAAATTTCCCTTTGACGCAAATGATACACCTCTGTTTAAACTT
>HPV22_Beta_1020178_nt3081_Genome_Tile|1

GTAATGTCTTATACAGTGTGGTCATACATTTATTATCAGACTGATGATGAGTCATGGGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt3161_Genome_Tile|1
CTATACAGGAGCTTACTATATAGAAGGGACCTTTAAAACCTATTATATTAAATTTGAAAC
>HPV22_Beta_1020178_nt3181_Genome_Tile|1
TAGAAGGGACCTTTAAAACCTATTATATTAAATTTGAAACAGATGCTAAACGATATGGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt3601_Genome_Tile|1
GCCCCCTCACCAGGTCCCGCTCAAGGTCGCGATCCCGTACACGAGAGTCTGTTGACGGGG
>HPV22_Beta_1020178_nt3881_Genome_Tile|1
AACCGATAGAATCGGGCGCTCTAGGATACTAATATCATTTCATACAGATAGGGAAAGAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt3921_Genome_Tile|1
CATACAGATAGGGAAAGAGAGAAGTGCTTGCAACAAATGAACTTCCTTTAGGTGTAGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt3941_Genome_Tile|1
GAAGTGCTTGCAACAAATGAACTTCCTTTAGGTGTAGAATGGTCATATGGCCAGTTTGA
>HPV22_Beta_1020178_nt4021_Genome_Tile|1
TACTAACACACTAACATTGCCTATTTATACTAACCTATTTGCTTGCTACTAACAAAATGG
>HPV22_Beta_1020178_nt4241_Genome_Tile|1
TGGTATAAGTACAGGTAAGGGTACCGGTGGTCCTACAGGCTATATTCCTTTAGGTCAAGG
>HPV22_Beta_1020178_nt4481_Genome_Tile|1
AACTATTGCAGAAGTACATCCGGTCCCAATAGACAATGTGGAACCTTGACACACCTTTAGT
>HPV22_Beta_1020178_nt4521_Genome_Tile|1
GAACTTGACACACCTTTAGTTTCTGGGGACCGTCACGCCATTTTGGAGGTGACTGATGCT
>HPV22_Beta_1020178_nt4541_Genome_Tile|1
TTCTGGGGACCGTCACGCCATTTTGGAGGTGACTGATGCTAATCCCCCTTTTAGGCGCAC
>HPV22_Beta_1020178_nt4721_Genome_Tile|1
GGTAGGGGATGCTAATGAAAGCATTGAATTGGATACTTTTCTTCTAGATATAGTTTTGA
>HPV22_Beta_1020178_nt4801_Genome_Tile|1
CTCGTAGAGTTAGTACACCAATTGAAAGAATCAGTCAGGAATTTAGAACTTTAAGAAGAG
>HPV22_Beta_1020178_nt4821_Genome_Tile|1
ATTGAAAGAATCAGTCAGGAATTTAGAACTTTAAGAAGAGCCTTATACAACAGAAGATTA
>HPV22_Beta_1020178_nt4861_Genome_Tile|1
CCTTATACAACAGAAGATTAACAGAACAGGTCCAAGTAAGAGACCCCTTGTTTATTCGAT
>HPV22_Beta_1020178_nt4881_Genome_Tile|1
ACAGAACAGGTCCAAGTAAGAGACCCCTTGTTTATTCGATCCCCGTCCAGGCTTGTGAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt5101_Genome_Tile|1
GGTTAGGGCAACGTGCATCGCTGAGCACACGCAGCGGCGCACGTGTAGGTGCTAGAGTGC
>HPV22_Beta_1020178_nt5141_Genome_Tile|1
ACGTGTAGGTGCTAGAGTGCATTTCTTTACAGATATTAGCACTATTAATGCAGAAGAGCC
>HPV22_Beta_1020178_nt5201_Genome_Tile|1
CATTGAATTAGAATTATTAGGTGAGCATTCTGGCGACAGCTCTGTAGTACAAGAACCATT
>HPV22_Beta_1020178_nt5241_Genome_Tile|1
TCTGTAGTACAAGAACCATTTGAAAGCACAATATTGGATGTCAATATTGACAACATACCT
>HPV22_Beta_1020178_nt5281_Genome_Tile|1
TCAATATTGACAACATACCTGAAAGTTTGGATACAAACATAGCAGAAACATCTGTAGACT
>HPV22_Beta_1020178_nt5301_Genome_Tile|1
GAAAGTTTGGATACAAACATAGCAGAAACATCTGTAGACTATGATTCTGCTGATTTGTTA
>HPV22_Beta_1020178_nt5321_Genome_Tile|1
AGCAGAAACATCTGTAGACTATGATTCTGCTGATTTGTTATTAGACAACGGTGTGGAGGA
>HPV22_Beta_1020178_nt5341_Genome_Tile|1
ATGATTCTGCTGATTTGTTATTAGACAACGGTGTGGAGGACTTTAGTAGGTCACAATTGG
>HPV22_Beta_1020178_nt5361_Genome_Tile|1
TTAGACAACGGTGTGGAGGACTTTAGTAGGTCACAATTGGTAATAGGTCCTTCAGATAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt5381_Genome_Tile|1
CTTTAGTAGGTCACAATTGGTAATAGGTCCTTCAGATAGATCACTTCCATCTATTACTGT
>HPV22_Beta_1020178_nt5401_Genome_Tile|1
TAATAGGTCCTTCAGATAGATCACTTCCATCTATTACTGTTCCACAATTTGAATCCCCTA

>HPV22_Beta_1020178_nt5461_Genome_Tile|1
GAGAAACCATTTGTGTACATACAAGACATAGAGGGTAATACAGTTGTATATCCTAAATATG
>HPV22_Beta_1020178_nt5481_Genome_Tile|1
CAAGACATAGAGGGTAATACAGTTGTATATCCTAAATATGAAGAAAGGCCAACTATTATA
>HPV22_Beta_1020178_nt5521_Genome_Tile|1
AAGAAAGGCCAACTATTATATTACCTACACCCCTCGGGGCCTGCTATAATTCAATCACCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt5561_Genome_Tile|1
TGCTATAATTCAATCACCTACACATTCTCCTTTGACTATTATTTACATCCTAGCTTGCG
>HPV22_Beta_1020178_nt5881_Genome_Tile|1
TTTAGAGTAACATTTCCAGATCCTAACAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGAT
>HPV22_Beta_1020178_nt5901_Genome_Tile|1
TCCTAACAATTTGCTTTGGGAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGT
>HPV22_Beta_1020178_nt5921_Genome_Tile|1
GAGATATGACAATCCATGATCCCGAAAGGTATAGATTAGTATGGGCTTGTAAGGGTTAG
>HPV22_Beta_1020178_nt6041_Genome_Tile|1
TACATGATACTGAAAACCCTACTGAACGCCAGGAAGGAACATCAGATGATAGAAGAAATG
>HPV22_Beta_1020178_nt6441_Genome_Tile|1
TTTTGTACGTGGTGGTCTTGTGGTGATGCTATACCAGATGATGCAGTTCAACAAGATCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6501_Genome_Tile|1
TAAATATTACTTGCCTGCAGCTTCACAGACTGCTTTAGAAAACCTCCACTTACTTTCCAAC
>HPV22_Beta_1020178_nt6701_Genome_Tile|1
ATTTTTCTATTAGTGTGGCAAGTGACGGCACACAGTTAATTATGATGCTAAAAAATCA
>HPV22_Beta_1020178_nt6721_Genome_Tile|1
AGTGACGGCACACAGTTAATTATGATGCTAAAAAATCAGAGAATTTATGCGCCATGTG
>HPV22_Beta_1020178_nt6761_Genome_Tile|1
GAGAATTTATGCGCCATGTGGAAGAATACCAATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6781_Genome_Tile|1
GAAGAATACCAATTATCCTTTATTTTGCAGCTATGTAGAATACCATTAGAAGCAGAGGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt7061_Genome_Tile|1
AGTATCCACTGGGTCGTAAATTTTTTATTCAATCTGGGTTACAACGTGCAAGGGCCAGTG
>HPV22_Beta_1020178_nt7081_Genome_Tile|1
TTTTTATTTCAATCTGGGTTACAACGTGCAAGGGCCAGTGCCAGGGTCAGTGTGAAACGT
>HPV22_Beta_1020178_nt7141_Genome_Tile|1
TCTGCTACGCGGAAAACGTCTAAAACGTAAAACGAAGGAACTTACCTCTTAACCGTTT
>HPV21_Beta_1020170_nt0161_Genome_Tile|1
TATTCATATATACATACTAGGGAAGATGCCCTAGTACTCATGGCTGACTCTTCAACAGAC
>HPV21_Beta_1020170_nt0221_Genome_Tile|1
AGTGCTGACGAAGGTCCTTCTCCTAAGCGTAGACATTTAGAAGAAGAAAATACATCTAGC
>HPV21_Beta_1020170_nt0301_Genome_Tile|1
AGCTACAATTCGTGACCTAGCCAATCTGTTAGAGATACCATTGGATGATTGTTTAGTACC
>HPV21_Beta_1020170_nt2181_Genome_Tile|1
CTATAGCAAAGTTCCTTAGATATCAGCAAGTAAATTTTATAATGTTTCTAGCAGCATTA
>HPV21_Beta_1020170_nt2901_Genome_Tile|1
GTGACACGGCTTGGATATCAATATGTACCTCCATTAGCAGTTTCAGAATCAAGAGCTAAA
>HPV21_Beta_1020170_nt2921_Genome_Tile|1
ATATGTACCTCCATTAGCAGTTTCAGAATCAAGAGCTAAACAGGCTATAGGGATGATGCT
>HPV21_Beta_1020170_nt3621_Genome_Tile|1
TCCTATTCCCGGTCCCGGTCTCAATCGTCTGACCAGCCGCAATACCGATTAGATCCGGA
>HPV21_Beta_1020170_nt4221_Genome_Tile|1
AAAGGTGTTGACCGGTCGTATGGTTCCCTTTGATAGCCTATAGCAGCCTTTAACATACTAA
>HPV21_Beta_1020170_nt4281_Genome_Tile|1
CTATAGCTCTGCTACTAACATATTAACACTTTTTTGATTATATATTTTTTTTTTTATTTT
>HPV21_Beta_1020170_nt5101_Genome_Tile|1
ATTCAAAAGAATTCAAATATTATAAGGAGAAGGGGTGGCGGGCTCACAAATAGGCGTTTG
>HPV21_Beta_1020170_nt5121_Genome_Tile|1

TATAAGGAGAAGGGGTGGCGGGCTCACAAATAGGCGTTTGGTTCAACAGGTTAATGTAGA
>HPV21_Beta_1020170_nt5141_Genome_Tile|1
GGCTCACAAATAGGCGTTTGGTTCAACAGGTTAATGTAGAGAATCCTTTGTTTGTATCCA
>HPV21_Beta_1020170_nt5161_Genome_Tile|1
GTTCAACAGGTTAATGTAGAGAATCCTTTGTTTGTATCCAGGCCTTCTAGATTAGTGCAG
>HPV21_Beta_1020170_nt5361_Genome_Tile|1
AGGTTACGTGAGAGTTAGTCGTCTTGGTAAACGAGGAACCTATTCGTACTCGTTCAGGAAC
>HPV21_Beta_1020170_nt5381_Genome_Tile|1
GTCTTGGTAAACGAGGAACCTATTCGTACTCGTTCAGGAACACAAATTGGTTCTCAGGTCC
>HPV21_Beta_1020170_nt5641_Genome_Tile|1
TTTAGTGGTTCCCAATTAGTGGTTGGAGGCCGCCGCTCCACTTCTTCTTATACTGTTCCA
>HPV21_Beta_1020170_nt5761_Genome_Tile|1
GCCTATCCTGAAGATCGAGACACTAGTACAGATATAATCTATCCAACACCAGATTTGCCA
>HPV21_Beta_1020170_nt5781_Genome_Tile|1
CACTAGTACAGATATAATCTATCCAACACCAGATTTGCCAGTTGTAATCATACACACATT
>HPV21_Beta_1020170_nt5821_Genome_Tile|1
GTTGTAATCATACACACATTTGATACAAGCGGTGATTTTTACTTACATCCGAGTCTTAGC
>HPV21_Beta_1020170_nt5841_Genome_Tile|1
TGATACAAGCGGTGATTTTTACTTACATCCGAGTCTTAGCAGAAAATTTAAGAGAAGAAG
>HPV21_Beta_1020170_nt6441_Genome_Tile|1
GGATAAAGCTATCCCATGTGCAACTGACAATCCACCTCCAGGATCGTGCCCTCCGATTGA
>HPV21_Beta_1020170_nt6461_Genome_Tile|1
CAACTGACAATCCACCTCCAGGATCGTGCCCTCCGATTGAATTAATTAATTCAGCAATAC
>HPV21_Beta_1020170_nt6961_Genome_Tile|1
GTTACAGTAGTAGACAACACTCGTAACACAACTTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAAT
>HPV21_Beta_1020170_nt6981_Genome_Tile|1
TCGTAACACAACTTTAGTATTTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGA
>HPV21_Beta_1020170_nt7001_Genome_Tile|1
TTTCAGTAAATCCTGAGAATGCAGACGTGTCTAAAATTGAAAATTATAAAGCCGAGAGCT
>HPV21_Beta_1020170_nt7661_Genome_Tile|1
AGATACTACGCGGCCAGAGTTGGATCACATCTCGTTGTTCTAACACGCTAAGGACTCAA
>HPV20_Beta_1020162_nt0161_Genome_Tile|1
AGACAGATATCATAGAGCTAATGCAGAGAGTGCAGGCACATGGCTACACCTCCTTCTTCA
>HPV20_Beta_1020162_nt0201_Genome_Tile|1
TGGCTACACCTCCTTCTTCAGAAGACAGCGCTGATGAAGGACCATCTAATATTGGAGAGG
>HPV20_Beta_1020162_nt0221_Genome_Tile|1
GAAGACAGCGCTGATGAAGGACCATCTAATATTGGAGAGGCCAAAACCTCCAATCTTAGAG
>HPV20_Beta_1020162_nt0241_Genome_Tile|1
ACCATCTAATATTGGAGAGGCCAAAACCTCCAATCTTAGAGCCACCATTGCCTGCAACAAT
>HPV20_Beta_1020162_nt0261_Genome_Tile|1
CAAAACCTCCAATCTTAGAGCCACCATTGCCTGCAACAATCTGTGGCCTAGCAAACTTT
>HPV20_Beta_1020162_nt2301_Genome_Tile|1
CTGGAAAATCTGCATTCACTATGTCATTGATACATGTGTTAAAGGGAAGGGTATTGTCCT
>HPV20_Beta_1020162_nt4761_Genome_Tile|1
AACTGATACACCAGTTACATCTACTACCAGTGGTTCTAGTGCAGTTCTAGAGGTAGCACC
>HPV20_Beta_1020162_nt4781_Genome_Tile|1
CTACTACCAGTGGTTCTAGTGCAGTTCTAGAGGTAGCACCAGAACCAACACCTCCAGCTC
>HPV20_Beta_1020162_nt4801_Genome_Tile|1
GCAGTTCTAGAGGTAGCACCAGAACCAACACCTCCAGCTCGTGTGAGAGTCAGCCGCACC
>HPV20_Beta_1020162_nt4821_Genome_Tile|1
AGAACCAACACCTCCAGCTCGTGTGAGAGTCAGCCGCACCCAGTATCATAACCCATCATT
>HPV20_Beta_1020162_nt4881_Genome_Tile|1
TCAATAATAACTGAATCAACACCAACATTGGGGGAAAGCTCATTAGCGGATCATATAGT
>HPV20_Beta_1020162_nt4921_Genome_Tile|1
TCATTAGCGGATCATATAGTAGTGACATCTGGTTCTGGGGGCCAAGCAATTGGGGGGATG

>HPV20_Beta_1020162_nt4961_Genome_Tile|1
GCCAAGCAATTGGGGGGATGACACCTGAACCTTATAGAGCTTCAGGATTTCCCATCAAGGT
>HPV20_Beta_1020162_nt5061_Genome_Tile|1
TAGCACACCTATGCAAAGACTTCAAAATGTGTTTCAGGCGTAGAGGAGGCCTTACTAACAG
>HPV20_Beta_1020162_nt5081_Genome_Tile|1
TTCAAAATGTGTTTCAGGCGTAGAGGAGGCCTTACTAACAGAAGATTAGTTCAACAAGTGC
>HPV20_Beta_1020162_nt5141_Genome_Tile|1
CTGTAGACAATCCATTATTTTTTGACACAACCTTCTAGATTGGTCCGGTTTCAGTTTGATA
>HPV20_Beta_1020162_nt5241_Genome_Tile|1
AGATTTAGACACTTTTAAATGAGCCCCAGACAGAGACTTTTTGGATGTTTCAGAGTTTAGG
>HPV20_Beta_1020162_nt5341_Genome_Tile|1
GTCAGCCGTGCAGGTCAACGAAGGACTATCAGAACTCGTTCTGGAGCACAAATAGGGTCT
>HPV20_Beta_1020162_nt5521_Genome_Tile|1
GTTGATATCAATGTAGATGAAAACCCACTTTCAGAAATCAGTGCATATTCTGATGATTTA
>HPV20_Beta_1020162_nt5621_Genome_Tile|1
TAGTTGTAGGGGAAGGCGTTCTACATCTACATACACTGTTCCCTCACTTTGAACTACTA
>HPV20_Beta_1020162_nt5641_Genome_Tile|1
TCTACATCTACATACACTGTTCCCTCACTTTGAACTACTAGATCTAGCTCTTACTATGTA
>HPV20_Beta_1020162_nt5661_Genome_Tile|1
TCCTCACTTTGAACTACTAGATCTAGCTCTTACTATGTACAAGATACAAAGGGGTATTA
>HPV20_Beta_1020162_nt5681_Genome_Tile|1
GATCTAGCTCTTACTATGTACAAGATACAAAGGGGTATTATGTAGCATATCCTGAAGATA
>HPV20_Beta_1020162_nt5721_Genome_Tile|1
TGTAGCATATCCTGAAGATAGAGATGTTAGTAAGGACATTATTTATCCTAATCCAGATTT
>HPV20_Beta_1020162_nt6041_Genome_Tile|1
ATTTTAAATATATATGACATCCAAGGCACTAAGATAAAAGTCCCTAAGGTTTCTGGAAATC
>HPV20_Beta_1020162_nt6261_Genome_Tile|1
ATTTAATAAACTTGGTGACACAGAAAACCCTAATTCATATAAAGGGAATTCAACTGATGA
>HPV20_Beta_1020162_nt6421_Genome_Tile|1
GACGACGTTCCAAACCCAGGTTTCATGCCCTCCAATAGAATTAAAAAATACAGCAATACAA
>HPV20_Beta_1020162_nt6741_Genome_Tile|1
TGCATTCTACATTCCACCTGTGAATAATCAGGCACAGAACAACCTAGGTAATTCAATGTA
>HPV20_Beta_1020162_nt6901_Genome_Tile|1
TGGTTCAATCAACTATTTGTTACTGTAGTAGATAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATA
>HPV20_Beta_1020162_nt6921_Genome_Tile|1
TACTGTAGTAGATAAATACTCGAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTCAGAAAACAC
>HPV20_Beta_1020162_nt6941_Genome_Tile|1
GAAATACAAATTTTAGCATATCAGTTCATTCAGAAAACACTGATGTTTCTAAAATTCAAA
>HPV20_Beta_1020162_nt7261_Genome_Tile|1
TACAAGGATCTAAACTTTTGGAATGTTGACCTATCAGAAAGATTATCCTTAGAATTGGAT
>HPV20_Beta_1020162_nt7381_Genome_Tile|1
GGTACAAAACTGTATCTTCAAAGTTATCTACTAGGGCGTCAAACGAAAACGCAAACAA
>HPV20_Beta_1020162_nt7641_Genome_Tile|1
GGCTCAAACCTTCATCGTCCCAACACGTTTCGGAACAGGAGGAAATGTAAGGCTGCCAACGC
>HPV20_Beta_1020162_nt7681_Genome_Tile|1
AAATGTAAGGCTGCCAACGCTTTTGGCTCTTCTTTTTGGCACAGCAGAAGACCGTTAACG
>HPV42_Alpha_333211_nt0181_Genome_Tile|1
CATTCGGAATTTACAGATTTTCCTGCATTTGGTGCAAAAAGCACTTAACAGGCGCAGAGG
>HPV42_Alpha_333211_nt0201_Genome_Tile|1
TCCTGCATTTGGTGCAAAAAGCACTTAACAGGCGCAGAGGTGCTCGCGTACCATTTTAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt0221_Genome_Tile|1
GCACTTAACAGGCGCAGAGGTGCTCGCGTACCATTTTAAAGATTTGGTAGTGGTGTGGAG
>HPV42_Alpha_333211_nt0401_Genome_Tile|1
TTTAGAAGAACAACAAATTAGATGTGCCCTTGTGTCAAAAGCCGTTATCACAGAGCGAAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt0421_Genome_Tile|1

GATGTGCCTTGTGTCAAAAGCCGTTATCACAGAGCGAAAAAACCATCATATTGATACAG
>HPV42_Alpha_333211_nt0441_Genome_Tile|1
CCGTTATCACAGAGCGAAAAAACCATCATATTGATACAGGTACAAGATTTC AATTTATA
>HPV42_Alpha_333211_nt0461_Genome_Tile|1
AAACCATCATATTGATACAGGTACAAGATTTC AATTTATATTGTGTCAGTGGACGGGTCG
>HPV42_Alpha_333211_nt0701_Genome_Tile|1
ACACAGTGTACAAAGTCTGTTAAACTCGTTGTGCAGTGTACAGAGGCGGACATAAGAAAC
>HPV42_Alpha_333211_nt0941_Genome_Tile|1
ATGTAGACGATAGTGGGTTAGATCTTGTGGATTTTGTAGATAATAGTACAGTAATACATA
>HPV42_Alpha_333211_nt0981_Genome_Tile|1
TAATAGTACAGTAATACATACAAAGCAGGTACATGCACAAGCCTTATTAAATAACAACA
>HPV42_Alpha_333211_nt1661_Genome_Tile|1
GAAAAATCGTACTACAGTGTCCAAAGGCCCTTAGTAAATTATTAAACATACCTACAAATC
>HPV42_Alpha_333211_nt1681_Genome_Tile|1
TCCAAAGGCCTTAGTAAATTATTAAACATACCTACAAATCAATTATTAATAGAGCCACCT
>HPV42_Alpha_333211_nt1721_Genome_Tile|1
AATTATTAATAGAGCCACCTCGGTTACAAAGTGTGGCTGCCGCCATATACTGGTTTAGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt2761_Genome_Tile|1
GGAAAATAGTAGGGATTACAAAAACATATTGAACATTGGAAATGTTTACGTATGGAGGC
>HPV42_Alpha_333211_nt2841_Genome_Tile|1
GTGAAATGGGCTTTGCAAATATAGGACATCAAATAGTACCAACATTGGAAACATGTAGAG
>HPV42_Alpha_333211_nt3321_Genome_Tile|1
ACGCAGAGATACCCTCTACTGGATCTACTAAGTTGGTACAACAAGTGTGCACCACAAACC
>HPV42_Alpha_333211_nt3401_Genome_Tile|1
ATTGACAACCACCACGCAGACTGTACAGACGGAACAGCATACAACGTGCCCATCCAAACC
>HPV42_Alpha_333211_nt3441_Genome_Tile|1
ACAACGTGCCCATCCAAACCTCACCGCCACGAAAACGATACAGACAGTGTGGACAGTCGC
>HPV42_Alpha_333211_nt3481_Genome_Tile|1
CAGACAGTGTGGACAGTCGCCATCACAGCACCTGCAGCACTCAAACCCCAGCATCCCCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt3501_Genome_Tile|1
CATCACAGCACCTGCAGCACTCAAACCCCAGCATCCCCAGCATCCCCAGCGCATCCGTGG
>HPV42_Alpha_333211_nt3521_Genome_Tile|1
TCAAACCCCAGCATCCCCAGCATCCCCAGCGCATCCGTGGACCCTGGATTGTGTGGGGTC
>HPV42_Alpha_333211_nt3561_Genome_Tile|1
ACCCTGGATTGTGTGGGGTCAGAACTAACAGTGAAAAGTGTAAACAAGCGACGGAACCACT
>HPV42_Alpha_333211_nt3641_Genome_Tile|1
GTAATTCATTTACAAGGTGACCCTAATTGCCTAAAATGCCTACGATTTAGGCTAAAAAGA
>HPV42_Alpha_333211_nt3681_Genome_Tile|1
TACGATTTAGGCTAAAAAGAAATTGTTTACATTTATTTACACAGGTGTCATCTACATGGC
>HPV42_Alpha_333211_nt3701_Genome_Tile|1
AATTGTTTACATTTATTTACACAGGTGTCATCTACATGGCATTTAACAGAAAATGATTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt3761_Genome_Tile|1
ACACGTGACACTAAAACTGGTATAATAACAATACATTATTATGATGAAGCACAAAGAAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt3781_Genome_Tile|1
TATAATAACAATACATTATTATGATGAAGCACAAAGAAATTTATTTTAAATACTGTAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt3841_Genome_Tile|1
AATACCTTCTGGGATAAAATCCTGTATTGGATATATGTCTATGTTACAGTTTATATGATT
>HPV42_Alpha_333211_nt3861_Genome_Tile|1
CCTGTATTGGATATATGTCTATGTTACAGTTTATATGATTAGTTGTATATGTGTATAAAC
>HPV42_Alpha_333211_nt3881_Genome_Tile|1
ATGTTACAGTTTATATGATTAGTTGTATATGTGTATAAACAGTTATAGGACTTCAATACT
>HPV42_Alpha_333211_nt3901_Genome_Tile|1
AGTTGTATATGTGTATAAACAGTTATAGGACTTCAATACTGTGACTCCACAACGTGTGGG
>HPV42_Alpha_333211_nt4041_Genome_Tile|1
TTATCCATATCCTGTATGGGCCTCTTGCCTTGCTAGCTACCTAACATTGGTGCTATTATC

>HPV42_Alpha_333211_nt4081_Genome_Tile|1
CTAACATTGGTGTCTATTATCATGGTTGCAGGTACTAACATACTTTGACTATTTTTTTCTA
>HPV42_Alpha_333211_nt4101_Genome_Tile|1
ATGGTTGCAGGTACTAACATACTTTGACTATTTTTTTCTATGTTTAATCATTCCTTGGTAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4121_Genome_Tile|1
ACTTTGACTATTTTTTTCTATGTTTAATCATTCCTTGGTATTCCTTCTGTCTTACTAACAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4201_Genome_Tile|1
CAATAACACATATTAGTTTAGGTGTGTGTGTGTGGTGTGCATGTGATTTGTACATGGTTG
>HPV42_Alpha_333211_nt4241_Genome_Tile|1
ATGTGATTTGTACATGGTTGTACATATATAATACCAATTATTGTTTGGCTACTATTTTCA
>HPV42_Alpha_333211_nt4261_Genome_Tile|1
TACATATATAATACCAATTATTGTTTGGCTACTATTTTCATTTATAGCCACACTGCTGTT
>HPV42_Alpha_333211_nt4281_Genome_Tile|1
TTGTTTGGCTACTATTTTCATTTATAGCCACACTGCTGTTTTCATATTGGTATTACAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt4301_Genome_Tile|1
TTTATAGCCACACTGCTGTTTTCATATTGGTATTACAAACATATAAACTGTTACCATAC
>HPV42_Alpha_333211_nt4341_Genome_Tile|1
CATATAAACTGTTACCATACGTATATACAGTGCTGTAAATAAACTTTTGTATATTGTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt4361_Genome_Tile|1
GTATATACAGTGCTGTAAATAAACTTTTGTATATTGTGTGTACTTCTTTTGTGCTATTA
>HPV42_Alpha_333211_nt4721_Genome_Tile|1
CTGATCCTTCTATTGTTTCCTTATTAGAAGAGTCATCAGTTATTGATGCAGGAATAACAG
>HPV42_Alpha_333211_nt4741_Genome_Tile|1
TTATTAGAAGAGTCATCAGTTATTGATGCAGGAATAACAGTACCTGATATTACTTCTCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4761_Genome_Tile|1
TATTGATGCAGGAATAACAGTACCTGATATTACTTCTCATGGAGGTTTAAATATTACTAC
>HPV42_Alpha_333211_nt4801_Genome_Tile|1
GGAGGTTTAAATATTACTACATCTACTGGTGGGCCTGCCTCAACGCCTGCTATATTAGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4821_Genome_Tile|1
ATCTACTGGTGGGCCTGCCTCAACGCCTGCTATATTAGATATCTCCCCCTCCCACTAATAC
>HPV42_Alpha_333211_nt4841_Genome_Tile|1
CAACGCCTGCTATATTAGATATCTCCCCCTCCCACTAATACTATACGTGTCACAACAATA
>HPV42_Alpha_333211_nt4861_Genome_Tile|1
ATCTCCCCCTCCCACTAATACTATACGTGTCACAACAATACTACATCTACCAATCCTTTATAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4921_Genome_Tile|1
ATTGATCCTTTTACATTGCAGCCGCCATTGCCAGCAGAGGTTAATGGGCGCCTATTAATA
>HPV42_Alpha_333211_nt4941_Genome_Tile|1
GCCGCCATTGCCAGCAGAGGTTAATGGGCGCCTATTAATATCTACTCCTACCATCACACC
>HPV42_Alpha_333211_nt5021_Genome_Tile|1
CAATGGACACGTTTGTGTATCTACAGATACAATAACACATTTACTAGTACTCCCATTC
>HPV42_Alpha_333211_nt5041_Genome_Tile|1
TCTACAGATACAATAACACATTTACTAGTACTCCCATTCCTGGCCCTCGGTCGTCTGCA
>HPV42_Alpha_333211_nt5061_Genome_Tile|1
ATTTACTAGTACTCCCATTCCTGGCCCTCGGTCGTCTGCACGCCTGGGGTTATATTCTAG
>HPV42_Alpha_333211_nt5141_Genome_Tile|1
TTACTACCAGTGCATTTTTAACATCTCCTGCACGGTTGGTTACTTATGACAATCCAGCCT
>HPV42_Alpha_333211_nt5181_Genome_Tile|1
TACTTATGACAATCCAGCCTATGAAGGACTTACGGAGGATACATTAGTATTTGAACATCC
>HPV42_Alpha_333211_nt5301_Genome_Tile|1
GTTATCATCCAAACAGGGTAGTGTACGTGTTAGTAGAATTGGACAAAGGCTGTCTATGCA
>HPV42_Alpha_333211_nt5321_Genome_Tile|1
GTGTACGTGTTAGTAGAATTGGACAAAGGCTGTCTATGCAGACACGTCGCGGGACCCGTT
>HPV42_Alpha_333211_nt5381_Genome_Tile|1
TTGGGTCACGTGTACACTTTTTTTCATGACCTTAGCCCTATTACACACTCTTCAGAAACTA
>HPV42_Alpha_333211_nt5401_Genome_Tile|1

TTTCATGACCTTAGCCCTATTACACACTCTTCAGAACTATTGAATTACAGCCTTTATCT
>HPV42_Alpha_333211_nt5421_Genome_Tile|1
TACACACTCTTCAGAACTATTGAATTACAGCCTTTATCTGCTTCTTCAGTATCTGCAGC
>HPV42_Alpha_333211_nt5461_Genome_Tile|1
GCTTCTTCAGTATCTGCAGCCTCCAATATTAATGATGGGTTATTTGATATTTATGTTGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt5481_Genome_Tile|1
CTCCAATATTAATGATGGGTTATTTGATATTTATGTTGATACTAGTGATGTAAATGTTAC
>HPV42_Alpha_333211_nt5501_Genome_Tile|1
TATTTGATATTTATGTTGATACTAGTGATGTAAATGTTACAAATACCACTTCCTCTATAC
>HPV42_Alpha_333211_nt5521_Genome_Tile|1
ACTAGTGATGTAAATGTTACAAATACCACTTCCTCTATACCTATGCATGGTTTTGCTACC
>HPV42_Alpha_333211_nt5541_Genome_Tile|1
AAATACCACTTCCTCTATACCTATGCATGGTTTTGCTACCCCCCGTTTGCTCCACTACATC
>HPV42_Alpha_333211_nt5561_Genome_Tile|1
CTATGCATGGTTTTGCTACCCCCCGTTTGCTCCACTACATCTTTCCCTACATTACCTAGCA
>HPV42_Alpha_333211_nt5601_Genome_Tile|1
TTTCCCTACATTACCTAGCATGTCTACACATCTGCCAATACCACCATACCTTTTTTCGTT
>HPV42_Alpha_333211_nt5641_Genome_Tile|1
ACCACCATACCTTTTTTCGTTTCCCTGCCACTGTGCATGTGGGCCCTGATTTATCTGTTGTG
>HPV42_Alpha_333211_nt5681_Genome_Tile|1
GCCCTGATTTATCTGTTGTGGACCACCCATGGGACAGTACCCCAACGTCTGTAATGCCTC
>HPV42_Alpha_333211_nt7301_Genome_Tile|1
GCTAAATCTGTTTCTTCAGCTAAACGTAAGAAAACACACAAATAGATGTATGTAGTAATG
>HPV42_Alpha_333211_nt7321_Genome_Tile|1
TAAACGTAAGAAAACACACAAATAGATGTATGTAGTAATGTTATGATACATATTTATGTT
>HPV42_Alpha_333211_nt7481_Genome_Tile|1
ATCTGGCCTGTTACCAGGTGCATTGGCCATGTTTCCTAACATTTTGCAAACCTATTCACT
>HPV42_Alpha_333211_nt7501_Genome_Tile|1
CATTGGCCATGTTTCCTAACATTTTGCAAACCTATTCACTTTTTTAAATTTATAAATGCAA
>HPV42_Alpha_333211_nt7521_Genome_Tile|1
ATTTTGCAAACCTATTCACTTTTTTAAATTTATAAATGCAATATGTGCTGCCAACTGTTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt7541_Genome_Tile|1
TTTTTAAATTTATAAATGCAATATGTGCTGCCAACTGTTTTATGGCACGTATGTTCTGCCA
>HPV42_Alpha_333211_nt7581_Genome_Tile|1
ATGGCACGTATGTTCTGCCAACGTACACTCCCTAATTCCTTTACATAACACACACGCCTT
>HPV42_Alpha_333211_nt7601_Genome_Tile|1
ACGTACACTCCCTAATTCCTTTACATAACACACACGCCTTTGCACAGGCATGTGCACAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt7781_Genome_Tile|1
GCATACACATTTACAAGTTACCTTGGCTTAAACAAGTAAAGTTATTTGTCACTGTTGACA
>HPV42_Alpha_333211_nt7801_Genome_Tile|1
CCTTGGCTTAAACAAGTAAAGTTATTTGTCACTGTTGACACATTACTCATATATATAATT
>HPV33_Alpha_333049_nt0141_Genome_Tile|1
ATTGCATGATTTGTGCCAAGCATTGGAGACAACTATACACAACATTGAACTACAGTGCGT
>HPV33_Alpha_333049_nt0261_Genome_Tile|1
AGTTGTATATAGAGAGGGAAATCCATTTGGAATATGTAACTGTGTTTGCGGTTCTTATC
>HPV33_Alpha_333049_nt0281_Genome_Tile|1
ATCCATTTGGAATATGTAACTGTGTTTGCGGTTCTTATCTAAAATTAGTGAATATAGAC
>HPV33_Alpha_333049_nt0541_Genome_Tile|1
AGAGAACTGCACGTGTGACGTGTAAAAACGCCATGAGAGGACACAAGCCAACGTTAAAGG
>HPV33_Alpha_333049_nt1361_Genome_Tile|1
TAGTGGGGTGGGGATGATTGAGAAGTAAGCTGTGAGACAAATGTAGATAGCTGTGAAAA
>HPV33_Alpha_333049_nt1401_Genome_Tile|1
AATGTAGATAGCTGTGAAAATGTTACGTTGCAGGAAATTAGTAATGTTCTACATAGTAGT
>HPV33_Alpha_333049_nt1421_Genome_Tile|1
TGTTACGTTGCAGGAAATTAGTAATGTTCTACATAGTAGTAATACAAAAGCAAATATATT

>HPV33_Alpha_333049_nt1621_Genome_Tile|1
TTAAACAGCATAGTTTGTATACTCATTTACAATGTTTAACTTGCGATAGAGGAATAATAA
>HPV33_Alpha_333049_nt3161_Genome_Tile|1
ATATTATAGAGGAAGATACATGTACTATGGTTACAGGGAAAGTAGATTATATAGGTATGT
>HPV33_Alpha_333049_nt3181_Genome_Tile|1
TGTACTATGGTTACAGGGAAAGTAGATTATATAGGTATGTATTATATACATAACTGTGAA
>HPV33_Alpha_333049_nt3461_Genome_Tile|1
AGCCCCCTTACAAAGCTGTTCTGTGCAGACCCCGCCTTGGACAATAGAACAGCACGTACTG
>HPV33_Alpha_333049_nt3501_Genome_Tile|1
CAATAGAACAGCACGTACTGCAACTAACTGCACAAACAAGCAGCGGACTGTGTGTAGTTC
>HPV33_Alpha_333049_nt3701_Genome_Tile|1
ATGGAATTGTAACGTGAACATTTGTAACGAACAGCAACAACAAATGTTTTTAGGTACCG
>HPV33_Alpha_333049_nt3841_Genome_Tile|1
ATTGTATATAACCATGATATTTGTTTTGTATTATGTTTTATATTGTTTTATGCTTATC
>HPV33_Alpha_333049_nt3861_Genome_Tile|1
TTGTTTTTGTATTATGTTTTATATTGTTTTATGCTTATCCTTATTATTACGTCCTTTAA
>HPV33_Alpha_333049_nt3881_Genome_Tile|1
ATATTGTTTTATGCTTATCCTTATTATTACGTCCTTTAATACTTTCCATTTCTACCTAT
>HPV33_Alpha_333049_nt3961_Genome_Tile|1
ATTGCTGCTTTGGGTGTTTGTGGGATCTCCTTTAAAAATTTTTTTTTGCTATTTGTTGTT
>HPV33_Alpha_333049_nt4101_Genome_Tile|1
TGTTTTGTATATATGTGCACATGGTGGTGTTTTAACATTGTTGTTGTTATTTTAGTTTTTT
>HPV33_Alpha_333049_nt4141_Genome_Tile|1
TGTTGTTATTTTAGTTTTTTTTTTTTTTTGTATTACTAATAAATACCTTTATATTTTAGCAG
>HPV33_Alpha_333049_nt4161_Genome_Tile|1
TTTTTTTTGTATTACTAATAAATACCTTTATATTTTAGCAGTGTATTATTATGAGACACAA
>HPV33_Alpha_333049_nt4401_Genome_Tile|1
TTCAGGTGGAAGGACTGGCTATGTACCTATTGGTACTGACCCACCTACAGCTGCAATCCC
>HPV33_Alpha_333049_nt4421_Genome_Tile|1
ATGTACCTATTGGTACTGACCCACCTACAGCTGCAATCCCCTTGCAGCCTATACGTCCTC
>HPV33_Alpha_333049_nt4441_Genome_Tile|1
CCACCTACAGCTGCAATCCCCTTGCAGCCTATACGTCCTCCGGTTACTGTAGACACTGTT
>HPV33_Alpha_333049_nt5161_Genome_Tile|1
ATTGGAGCTAGAATACATTATTATCAGGATTTAAGTCCTATTGTGCCTTTAGACCACACC
>HPV33_Alpha_333049_nt5181_Genome_Tile|1
TTATCAGGATTTAAGTCCTATTGTGCCTTTAGACCACACCGTGCCAAATGAACAATATGA
>HPV33_Alpha_333049_nt5201_Genome_Tile|1
TTGTGCCTTTAGACCACACCGTGCCAAATGAACAATATGAATTACAGCCTTTACATGATA
>HPV33_Alpha_333049_nt5221_Genome_Tile|1
GTGCCAAATGAACAATATGAATTACAGCCTTTACATGATACTTCTACATCGTCTTATAGT
>HPV33_Alpha_333049_nt5321_Genome_Tile|1
ATAATGTACACACCCCAATGCAACACTCATACAGTACGTTTGCAACAACACGTACCAGCA
>HPV33_Alpha_333049_nt5381_Genome_Tile|1
ATGTGTCTATACCTTTAAATACAGGATTTGATACTCCTGTTATGTCTGGCCCTGATATAC
>HPV33_Alpha_333049_nt5401_Genome_Tile|1
ACAGGATTTGATACTCCTGTTATGTCTGGCCCTGATATACCTTCCCCTTTATTTCCCACA
>HPV33_Alpha_333049_nt5461_Genome_Tile|1
TCTAGCCCATTTGTTTCCTATTTTCGCCTTTTTTTCCTTTTGACACCATTGTTGTAGACGGT
>HPV33_Alpha_333049_nt5481_Genome_Tile|1
TTCGCCTTTTTTCCTTTTGACACCATTGTTGTAGACGGTGCTGACTTTGTTTTACATCC
>HPV33_Alpha_333049_nt5721_Genome_Tile|1
TTGCTGTTGGCCATCCATATTTTTCTATTAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGG
>HPV33_Alpha_333049_nt5741_Genome_Tile|1
TTTTCTATTAAAAATCCTACTAACGCTAAAAAATTATTGGTACCCAAAGTATCAGGCTTG
>HPV33_Alpha_333049_nt6401_Genome_Tile|1

GCTGTTCCCGATAGACCTGTACATTAAAGGTTTCAGGAACACTACTGCCTTATTCAAAGCAGT
>HPV33_Alpha_333049_nt7121_Genome_Tile|1
TTTTTGTTCTGTCTATGTACTTTGTGTTGTTGTGTTGTGTTGTTGTTGTTTTGTGTGA
>HPV33_Alpha_333049_nt7141_Genome_Tile|1
TTTGTGTTGTTGTGTTGTGTTGTTGTTGTTGTTTTTGTGTATGTGTTACAATGTATGTTAT
>HPV33_Alpha_333049_nt7281_Genome_Tile|1
ATGTTAATAAAAACATTGTGTGTATTTGGTTAAACTATTTGTATGTATGTTATGTATATGGG
>HPV33_Alpha_333049_nt7321_Genome_Tile|1
ATGTATGTTATGTATATGGGTGTACCTATATGAGTAAGGAGTTGTATTGCTTGCCCTACC
>HPV33_Alpha_333049_nt7341_Genome_Tile|1
TGTACCTATATGAGTAAGGAGTTGTATTGCTTGCCCTACCCTGCATTGCAATGTACCTAC
>HPV33_Alpha_333049_nt7361_Genome_Tile|1
GTTGTATTGCTTGCCCTACCTGCATTGCAATGTACCTACCTTTATTTCCCTATATTTGT
>HPV33_Alpha_333049_nt7381_Genome_Tile|1
CTGCATTGCAATGTACCTACCTTTATTTCCCTATATTGTAGTAGCTACCTACATGTTTAGTAT
>HPV33_Alpha_333049_nt7401_Genome_Tile|1
CTTTATTTCCCTATATTTGTAGTAGCTACCTACATGTTTAGTATTGCTTTACCTTTTGACATAC
>HPV33_Alpha_333049_nt7421_Genome_Tile|1
AGTACCTACATGTTTAGTATTGCTTTACCTTTTGACATACTAGTGTCCATATTGTACAAT
>HPV33_Alpha_333049_nt7441_Genome_Tile|1
TGCTTTACCTTTTGACATACTAGTGTCCATATTGTACAATTTCCCTCCATTTTGTATGCCCT
>HPV33_Alpha_333049_nt7521_Genome_Tile|1
CATACATACCCTATGACATTGGCAGAACAGTTAATCCTTTTCTTTCCCTGCACCTGTGTTTG
>HPV33_Alpha_333049_nt7561_Genome_Tile|1
TCTTTCCCTGCACCTGTGTTTGTCTGTACTTGCTGCATTGGCATAACATACCCTATGACATTG
>HPV33_Alpha_333049_nt7601_Genome_Tile|1
ATACATACCCTATGACATTGGCAGAACAGTTAATCCTTTTCTTTCCCTGCACCTGTGTTTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt0081_Genome_Tile|1
AGTATTTTGTGCAAACCTACAGACGCCATGTTCAAAAAATCCTGCAGAAAGACCTCGGAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt0101_Genome_Tile|1
AGACGCCATGTTCAAAAAATCCTGCAGAAAGACCTCGGAAATTGCATGAACCTAACGCTCGGC
>HPV31_Alpha_333048_nt0121_Genome_Tile|1
CTGCAGAAAGACCTCGGAAATTGCATGAACCTAACGCTCGGAAATACCTACGATG
>HPV31_Alpha_333048_nt0141_Genome_Tile|1
TTGCATGAACCTAACGCTCGGCAATTGGAAATACCTACGATGAACCTAACGATTGAATTGTGTCT
>HPV31_Alpha_333048_nt0161_Genome_Tile|1
ATTGGAAATACCTACGATGAACCTAACGATTGAATTGTGTCTACTGCAAAGGTCAGTTAAC
>HPV31_Alpha_333048_nt0181_Genome_Tile|1
AACTAAGATTGAATTGTGTCTACTGCAAAGGTCAGTTAACAGAAACAGAGGTATTAGATT
>HPV31_Alpha_333048_nt0441_Genome_Tile|1
CCAGAAGAAAAACAAAGACATTTGGATAAAAAGAAACGATTCCACAACATAGGAGGAAGG
>HPV31_Alpha_333048_nt0461_Genome_Tile|1
TTTGGATAAAAAGAAACGATTCCACAACATAGGAGGAAGGTGGACAGGACGTTGCATAGC
>HPV31_Alpha_333048_nt0481_Genome_Tile|1
TCCACAACATAGGAGGAAGGTGGACAGGACGTTGCATAGCATGTTGGAGAAGACCTCGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt0501_Genome_Tile|1
TGGACAGGACGTTGCATAGCATGTTGGAGAAGACCTCGTACTGAAACCCAAGTGTAAACA
>HPV31_Alpha_333048_nt0701_Genome_Tile|1
GACACATCCAATTACAATATCGTTACCTTTTGTGTGTGTCAGTGTAAAGTCTACACTTCGTTTG
>HPV31_Alpha_333048_nt0741_Genome_Tile|1
GTAAGTCTACACTTCGTTTGTGTGTACAGAGCACACAAGTAGATATTCGCATATTGCAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt0981_Genome_Tile|1
TAGTGATACCTGGGGAGGATATGGTTGACTTTATTGACAATTGTAATGTATACAACAATCA
>HPV31_Alpha_333048_nt1161_Genome_Tile|1
TGTGGATTATAATATTAGTCCACGGTTAAAAGCTATATGCATAGAAAATAACAGTAAAA

>HPV31_Alpha_333048_nt1281_Genome_Tile|1
GCAGCAGATGGTACAGGTAGAGGAGCAACAAACAACATTAAGTTGTAATGGTAGTGACGG
>HPV31_Alpha_333048_nt1301_Genome_Tile|1
AGGAGCAACAAACAACATTAAGTTGTAATGGTAGTGACGGGACACATAGTGAACGAGAGA
>HPV31_Alpha_333048_nt1321_Genome_Tile|1
AGTTGTAATGGTAGTGACGGGACACATAGTGAACGAGAGAATGAAACTCCAACACGTAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt1341_Genome_Tile|1
GACACATAGTGAACGAGAGAATGAAACTCCAACACGTAATATATTGCAAGTGTTAAAAAC
>HPV31_Alpha_333048_nt1361_Genome_Tile|1
ATGAAACTCCAACACGTAATATATTGCAAGTGTTAAAAACTAGCAATGGTAAAGCTGCTA
>HPV31_Alpha_333048_nt1461_Genome_Tile|1
GGAAC TAATTAGGCCATTTCAAAGCAATAAAAGCACATGTACTGATTGGTGTGTAGCTGC
>HPV31_Alpha_333048_nt1581_Genome_Tile|1
GTATTGCCATTTACAAAGTTTAGCATGTTCCCTGGGGCATGGTTATGTTAATGCTTGTGAG
>HPV31_Alpha_333048_nt1681_Genome_Tile|1
TTAGAAAAATTATTGTGTATATCTACAAATTGTATGTTAATTCAGCCACCCAAATTACGT
>HPV31_Alpha_333048_nt2381_Genome_Tile|1
CATGTTGGCATTATATAGACAATTACCTACGAAATGCACTAGATGGCAACCCTGTATCTA
>HPV31_Alpha_333048_nt2461_Genome_Tile|1
TTAATGCAGTTAAAATGTCCTCCTTTATTGATTACATCTAATATAAATGCAGGTAAGGAT
>HPV31_Alpha_333048_nt2761_Genome_Tile|1
TAAACGACTTTGTGATCATATAGACTATTGGAAACATATTCGACTTGAATGTGTATTAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt2901_Genome_Tile|1
TACAAGCTATTGAACTACAAATGATGTTGGAAACATTAAATAACACTGAATACAAAAATG
>HPV31_Alpha_333048_nt2921_Genome_Tile|1
ATGATGTTGGAAACATTAAATAACACTGAATACAAAAATGAGGACTGGACAATGCAGCAA
>HPV31_Alpha_333048_nt2941_Genome_Tile|1
TAACACTGAATACAAAAATGAGGACTGGACAATGCAGCAAACAAGTCTTGAAGTGTATTT
>HPV31_Alpha_333048_nt3021_Genome_Tile|1
TAAAAAAACATGGATATACTGTAGAGGTGCAATTTGATGGTGATGTACACAACACCATGC
>HPV31_Alpha_333048_nt3101_Genome_Tile|1
ATATACCTATGTATAGATGGCCAATGTACTGTTGTGGAAGGGCAAGTTAATTGTAAGGGC
>HPV31_Alpha_333048_nt3121_Genome_Tile|1
CCAATGTACTGTTGTGGAAGGGCAAGTTAATTGTAAGGGCATTTATTATGTACATGAAGG
>HPV31_Alpha_333048_nt3141_Genome_Tile|1
GGCAAGTTAATTGTAAGGGCATTTATTATGTACATGAAGGACATATAACATATTTTGTAA
>HPV31_Alpha_333048_nt3161_Genome_Tile|1
ATTTATTATGTACATGAAGGACATATAACATATTTTGTAAATTTTACAGAAGAGGCAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt3181_Genome_Tile|1
ACATATAACATATTTTGTAAATTTTACAGAAGAGGCAAAAAATATGGGACTGGTAAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt3301_Genome_Tile|1
CGAAATATCCTTTGCTGGGATTGTTACAAAGCTACCAACAGCCAACAACACCACCACATC
>HPV31_Alpha_333048_nt3481_Genome_Tile|1
AGGCGACTCCGTGGACAGTGTCAACTGTGGGGTTATCAGTGCAGCTGCATGCACAAACCA
>HPV31_Alpha_333048_nt3501_Genome_Tile|1
TCAACTGTGGGGTTATCAGTGCAGCTGCATGCACAAACCAACAAGGGCTGTCAGTTGTC
>HPV31_Alpha_333048_nt3781_Genome_Tile|1
ATCAGTGTCAACAGGATATATGACTATTTAGCCTAATGATTGAACTAAATATTTCTACAG
>HPV31_Alpha_333048_nt3881_Genome_Tile|1
ACTATTTGTGTGCTTGTGCATACGTCCACTGTGTGCTGTCTGTGTCGGTATATGCAACACT
>HPV31_Alpha_333048_nt3901_Genome_Tile|1
TACGTCCACTTGTGCTGTCTGTGTGCGGTATATGCAACACTACTATTATTAATTGTGATTT
>HPV31_Alpha_333048_nt3921_Genome_Tile|1
GTGTGCGGTATATGCAACACTACTATTATTAATTGTGATTTTATGGGTTATTGCAACCTCT
>HPV31_Alpha_333048_nt3941_Genome_Tile|1

ACTATTATTAATTGTGATTTTATGGGTTATTGCAACCTCTCCATTACGTTGTTTTTGTAT
>HPV31_Alpha_333048_nt4001_Genome_Tile|1
ATATGTTGTGTTTATATATATTCCATTATTTGTAATTCATACACATGCATCTTTTTTAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt4021_Genome_Tile|1
TTCCATTATTTGTAATTCATACACATGCATCTTTTTTAAGTCAACAGTAACTTTTTTACT
>HPV31_Alpha_333048_nt4041_Genome_Tile|1
ACACATGCATCTTTTTTAAGTCAACAGTAACTTTTTTACTTGTGTATACTGTTGTTTGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt4101_Genome_Tile|1
TTGGTATTGGTATTGGTATTGGTATTGGTATTGGTATAATAAACTTTTTTACTTTTTTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt4141_Genome_Tile|1
AAACTTTTTTACTTTTTTTTTTATTATTACCATGCGGTCCAAACGCTCTACAAAACGCACT
>HPV31_Alpha_333048_nt4241_Genome_Tile|1
CAGCAGGTACTTGTCCATCAGACGTTATACCTAAAATAGAACATACTACCATTCGAGACC
>HPV31_Alpha_333048_nt4261_Genome_Tile|1
GACGTTATACCTAAAATAGAACATACTACCATTCGAGACCAAATATTAAGGTATGGTAGT
>HPV31_Alpha_333048_nt4361_Genome_Tile|1
CTGGTACTGGGGTTCGCACTGGATATGTCCCTCTTAGTACACGTCCTTCTACAGTATCTG
>HPV31_Alpha_333048_nt4381_Genome_Tile|1
GGATATGTCCCTCTTAGTACACGTCCTTCTACAGTATCTGAGGCAAGTATACCTATTAGA
>HPV31_Alpha_333048_nt4401_Genome_Tile|1
ACGTCCTTCTACAGTATCTGAGGCAAGTATACCTATTAGACCACAGTTAGCATTGACCC
>HPV31_Alpha_333048_nt4441_Genome_Tile|1
CCACCAGTTAGCATTGACCCTGTAGGTCCCTTGGACCCCTCTATAGTAAGTCTTGTTGAA
>HPV31_Alpha_333048_nt4481_Genome_Tile|1
CTATAGTAAGTCTTGTTGAAGAATCTGGAATTGTTGATGTTGGTGCCCTGCTCCTATAC
>HPV31_Alpha_333048_nt4501_Genome_Tile|1
GAATCTGGAATTGTTGATGTTGGTGCCCTGCTCCTATACCACACCCCTCCTACAACATCT
>HPV31_Alpha_333048_nt4561_Genome_Tile|1
GGGTTTGACATTGCTACAACCTGCAGACACAACACCTGCAATTTTAGATGTAACAAGTGTT
>HPV31_Alpha_333048_nt4841_Genome_Tile|1
GTAAGGCTACACAACAAGTAAAAGTTATTGATCCAACGTTTCTTAGTGCTCCAAAACAGC
>HPV31_Alpha_333048_nt4861_Genome_Tile|1
AAAGTTATTGATCCAACGTTTCTTAGTGCTCCAAAACAGCTAATTACATATGAAAACCCT
>HPV31_Alpha_333048_nt4881_Genome_Tile|1
TCTTAGTGCTCCAAAACAGCTAATTACATATGAAAACCCTGCCTATGAAACTGTAAATGC
>HPV31_Alpha_333048_nt4901_Genome_Tile|1
TAATTACATATGAAAACCCTGCCTATGAAACTGTAAATGCTGAAGAATCTTTATACTTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt4921_Genome_Tile|1
GCCTATGAAACTGTAAATGCTGAAGAATCTTTATACTTTTCCAATACATCGCATAATATA
>HPV31_Alpha_333048_nt4941_Genome_Tile|1
TGAAGAATCTTTATACTTTTCCAATACATCGCATAATATAGCCCTGATCCCGACTTTCT
>HPV31_Alpha_333048_nt5141_Genome_Tile|1
GTAGTATTAATCCTGCAGGTGAAAGTATTGAAATGCAACCTTTAGGGGCGTCTGCAACTA
>HPV31_Alpha_333048_nt5161_Genome_Tile|1
GAAAGTATTGAAATGCAACCTTTAGGGGCGTCTGCAACTACTACTTCTACTTTAAATGAT
>HPV31_Alpha_333048_nt5201_Genome_Tile|1
CTACTTCTACTTTAAATGATGGCTTATATGACATTTATGCAGACACTGATTTTACTGTGG
>HPV31_Alpha_333048_nt5221_Genome_Tile|1
GGCTTATATGACATTTATGCAGACACTGATTTTACTGTGGATACACCTGCCACACATAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt5241_Genome_Tile|1
AGACACTGATTTTACTGTGGATACACCTGCCACACATAATGTTTCCCCTTCTACTGCTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt5361_Genome_Tile|1
AGGTTTTTGACATTCCCATATTTTCTGGGCCCTGATGTACCTATAGAGCATGCACCTACACA
>HPV31_Alpha_333048_nt5401_Genome_Tile|1
ATAGAGCATGCACCTACACAGGTTTTCCCATTTCTTTTGGCCCCTACAACGCCACAAGTG

>HPV31_Alpha_333048_nt5421_Genome_Tile|1
GGTTTTCCCATTTTCCTTTGGCCCCCTACAACGCCACAAGTGTCTATTTTTGTTGATGGGGG
>HPV31_Alpha_333048_nt5681_Genome_Tile|1
ACAGTAGGCCATCCATATTATTCCATACCTAAATCTGACAATCCTAAAAAATAGTTGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt5941_Genome_Tile|1
TGAAAACCTCTAATAGATATGCCGGTGGTCCCTGGCACTGATAATAGGGAATGTATATCAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt6041_Genome_Tile|1
CCACCTATTGGAGAGCATTGGGGTAAAGGTAGTCCTTGTAGTAACAATGCTATTACCCCT
>HPV31_Alpha_333048_nt6061_Genome_Tile|1
GGGTAAAGGTAGTCCTTGTAGTAACAATGCTATTACCCCTGGTGATTGTCCTCCATTAGA
>HPV31_Alpha_333048_nt6381_Genome_Tile|1
ATATTAAAGGCTCCGGTTCAACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTCCTACACCTA
>HPV31_Alpha_333048_nt6401_Genome_Tile|1
ACAGCTACTTTAGCTAACAGTACATACTTTCCTACACCTAGCGGCTCCATGGTTACTTCA
>HPV31_Alpha_333048_nt6941_Genome_Tile|1
CCACTGGGTCGCAAATTTTTATTACAGGCAGGATATAGGGCACGTCTAAATTTAAAGCA
>HPV31_Alpha_333048_nt7001_Genome_Tile|1
GGTAAACGTAGTGCACCCTCAGCATCTACCACTACACCAGCAAAACGTAAAAAACTAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7041_Genome_Tile|1
CAAAACGTAAAAAACTAAAAAGTAATGGATGTGTATGTAATACATGTGTCTGTATGTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt7061_Genome_Tile|1
AAGTAATGGATGTGTATGTAATACATGTGTCTGTATGTGTATGTGCTTGTGCTGTATTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt7121_Genome_Tile|1
ATATGTGTGTGTTTGTGTGTTATATATGGTATATGTATGTTTATGTATGCGTGTGTACTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7141_Genome_Tile|1
TATATATGGTATATGTATGTTTATGTATGCGTGTGTACTTGTATATATGTATAGTATGTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7161_Genome_Tile|1
TTATGTATGCGTGTGTACTTGTATATATGTATAGTATGTTATGTGTGTATGTATGCTATG
>HPV31_Alpha_333048_nt7241_Genome_Tile|1
TACCTGTGTGTGTTGTGTATGTTGTCTTATATACACCCTATTAGTAACATACTATTACT
>HPV31_Alpha_333048_nt7261_Genome_Tile|1
GTTGTCTTATATACACCCTATTAGTAACATACTATTACTATTTTATAAACTATTGTTCC
>HPV31_Alpha_333048_nt7281_Genome_Tile|1
ATTAGTAACATACTATTACTATTTTATAAACTATTGTTTCTACTTGTTCCTACTTGTTC
>HPV31_Alpha_333048_nt7301_Genome_Tile|1
ATTTTATAAACTATTGTTTCTACTTGTTCCTACTTGTTCCTGCTCCTCCCAATAGTCATG
>HPV31_Alpha_333048_nt7321_Genome_Tile|1
TACTTGTTCCTACTTGTTCCTGCTCCTCCCAATAGTCATGTACTTATTTCTGCCTATAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt7341_Genome_Tile|1
TGCTCCTCCCAATAGTCATGTACTTATTTCTGCCTATAATTTAGGTGTCACGCCATAGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt7381_Genome_Tile|1
TTAGGTGTCACGCCATAGTAAAAGTTGTACACCCGGTCCGTTTTTTGCAACTAAAGCTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt7421_Genome_Tile|1
TTTTTTGCAACTAAAGCTACTCCATTTTGATTTTATGCAGCCATTTTAAATCCCTAACCG
>HPV31_Alpha_333048_nt7501_Genome_Tile|1
ACATGCTAGTACAACATATGCTGATGCAGTAGTTCTGCGGTTTTTGGTTTCCTGAATACTA
>HPV31_Alpha_333048_nt7561_Genome_Tile|1
GTTTTTGCCAACATTCTGGCTTGTAGTTTCCTGCCTAACACACCTTGCCAACATATAATC
>HPV31_Alpha_333048_nt7621_Genome_Tile|1
CAGTCCAACCTTGCAATTATACTATGAATCATGTTTGTTTAAATACAACCTGTAGTTCAAC
>HPV31_Alpha_333048_nt7641_Genome_Tile|1
ACTATGAATCATGTTTGTTTAAATACAACCTGTAGTTCAACTATGTGTCATGCACATATAT
>HPV31_Alpha_333048_nt7661_Genome_Tile|1
AAATACAACCTGTAGTTCAACTATGTGTCATGCACATATATTATATTATCCTACACACCTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7761_Genome_Tile|1

CTTGATTGCAGTGGCTTTTGCACATGTTTAACTGCCAAGGTTGTGTCATGCATTAT
>HPV31_Alpha_333048_nt7781_Genome_Tile|1
TTGCACATGTTTAACTGCCAAGGTTGTGTCATGCATTATAAATAAGTTGTATGTTACTC
>HPV31_Alpha_333048_nt7801_Genome_Tile|1
AAGGTTGTGTCATGCATTATAAATAAGTTGTATGTTACTCATATAATTAATTGCATATAG
>HPV31_Alpha_333048_nt7821_Genome_Tile|1
AAATAAGTTGTATGTTACTCATATAATTAATTGCATATAGGTATTACACCGTTTTTCGGTT
>HPV11_Alpha_333026_nt0221_Genome_Tile|1
CGCAGAGATATATGCATATGCCTATAAGAACCCTAAAGGTTGTGTGGCGAGACAACCTTCC
>HPV11_Alpha_333026_nt0361_Genome_Tile|1
CTACAGTAGAAGAAGAAACCAATGAAGATATTTTAAAAGTGTTAATTCGTTGTTACCTGT
>HPV11_Alpha_333026_nt0421_Genome_Tile|1
GTCACAAGCCGTTGTGTGAAATAGAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCA
>HPV11_Alpha_333026_nt0441_Genome_Tile|1
ATAGAAAACTAAAGCACATATTGGGAAAGGCACGCTTCATAAACTAAATAACCAGTGG
>HPV11_Alpha_333026_nt1401_Genome_Tile|1
AGACACATCAGGAATATTAGAATTACTAAAATGTAAGGATATACGATCTACATTACATGG
>HPV11_Alpha_333026_nt2081_Genome_Tile|1
AAATGAAAAAGATGTCTATTAAACAATGGATTAAGTATAGGGGTACTAAAGTTGACAGTG
>HPV11_Alpha_333026_nt2121_Genome_Tile|1
GGGTACTAAAGTTGACAGTGTAGGTAAGTGAAGCCAATTGTGCAGTTTCTAAGACATCA
>HPV11_Alpha_333026_nt2501_Genome_Tile|1
TAATTAAGTGTCACCGCTACTGGTTACATCAAATATAGACATTAGCAAAGAGGAGAAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt2961_Genome_Tile|1
AATCCTTAGCAAAAACCTCAGTATGGTGTGGAACCTTGGACATTACAGGACACCAGTTATG
>HPV11_Alpha_333026_nt3121_Genome_Tile|1
ATGGACACATATATACCTGCAGGACAACGACTCATGGGTAAAAGTAACTAGTTCCGTAGA
>HPV11_Alpha_333026_nt3141_Genome_Tile|1
AGGACAACGACTCATGGGTAAAAGTAACTAGTTCCGTAGATGCCAAGGGCATATATTATA
>HPV11_Alpha_333026_nt3921_Genome_Tile|1
ATTGCCTGTTGTTATTGCATTTGCAGTATGTATTCTTAGTATTGTACTTATAATATTAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt3941_Genome_Tile|1
TTGCAGTATGTATTCTTAGTATTGTACTTATAATATTAATATCTGATTTTGTAGTATATA
>HPV11_Alpha_333026_nt3961_Genome_Tile|1
ATTGTACTTATAATATTAATATCTGATTTTGTAGTATATACATCTGTGCTGGTACTAACA
>HPV11_Alpha_333026_nt4101_Genome_Tile|1
TCCTGCCTTTTATATACACATATACATTGTGCAAACGCAACAATAATGGTGATGTTAACC
>HPV11_Alpha_333026_nt4121_Genome_Tile|1
TATACATTGTGCAAACGCAACAATAATGGTGATGTTAACCTGTCACTTAAATGATGGTGA
>HPV11_Alpha_333026_nt4221_Genome_Tile|1
GCTGTACTTGGATTGTTGTTACTACATTACAGGGCTGTACATGGTACTGAAAAAACTAAA
>HPV11_Alpha_333026_nt4241_Genome_Tile|1
ACTACATTACAGGGCTGTACATGGTACTGAAAAAACTAAATGTGCTAAGTGTAATCAAA
>HPV11_Alpha_333026_nt4261_Genome_Tile|1
ATGGTACTGAAAAAACTAAATGTGCTAAGTGTAATCAAACCGCAATACTACTGTGGATT
>HPV11_Alpha_333026_nt4281_Genome_Tile|1
TGTGCTAAGTGTAATCAAACCGCAATACTACTGTGGATTATGTGTATATGTCACATGGT
>HPV11_Alpha_333026_nt4301_Genome_Tile|1
CCGCAATACTACTGTGGATTATGTGTATATGTCACATGGTGATAATGGAGATTATGTGTA
>HPV11_Alpha_333026_nt4321_Genome_Tile|1
ATGTGTATATGTCACATGGTGATAATGGAGATTATGTGTACATGAACTAGAGTAAACCTT
>HPV11_Alpha_333026_nt4361_Genome_Tile|1
CATGAACTAGAGTAAACCTTTTTTATACAGTGTGTGGTGTACGTTAGTTATATATAATGA
>HPV11_Alpha_333026_nt4601_Genome_Tile|1
CTGGTAGTGGCGTTCGTGCAGGGTATATACCCCTGGGAAGCTCTCCCAAGCCTGCTATTA

>HPV11_Alpha_333026_nt4641_Genome_Tile|1
CTCTCCCAAGCCTGCTATTACTGGGGGCCAGCAGCACGTCCGCCAGTGCTTGTGGAGCC
>HPV11_Alpha_333026_nt4761_Genome_Tile|1
TGGTGCACCTGAGGTGGTACCCCTACACAGGTGGCTTTACTATAACATCATCTGAATC
>HPV11_Alpha_333026_nt4781_Genome_Tile|1
CCCCTACACAGGTGGCTTTACTATAACATCATCTGAATCGACTACACCTGCTATTTTAG
>HPV11_Alpha_333026_nt4841_Genome_Tile|1
ATGTGTCTGTTACCAATCACACTACCACTAGTGTGTTTCAAATCCCCCTGTTTACAGAAC
>HPV11_Alpha_333026_nt5141_Genome_Tile|1
CACAGCGATTGGTAACCTTATGACAACCTGTCTATGAAGGAGAAGATGTAAGTTTACAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt5161_Genome_Tile|1
GACAACCTGTCTATGAAGGAGAAGATGTAAGTTTACAATTTACCCATGAGTCTATCCAC
>HPV11_Alpha_333026_nt5181_Genome_Tile|1
AGAAGATGTAAGTTTACAATTTACCCATGAGTCTATCCACAATGCACCTGATGAAGCATT
>HPV11_Alpha_333026_nt5201_Genome_Tile|1
TTACCCATGAGTCTATCCACAATGCACCTGATGAAGCATTATGGATATTATTAGACTAC
>HPV11_Alpha_333026_nt5441_Genome_Tile|1
ATGACACGTTTGATATTTATGCTGAACCATTTGACCCTATCCCTGACCCTGTCCAACATT
>HPV11_Alpha_333026_nt5461_Genome_Tile|1
GCTGAACCATTTGACCCTATCCCTGACCCTGTCCAACATTCTGTTACACAGTCTTATCTT
>HPV11_Alpha_333026_nt5501_Genome_Tile|1
CTGTTACACAGTCTTATCTTACCTCCACACCTAATACCCTTTCACAATCGTGGGGTAATA
>HPV11_Alpha_333026_nt7221_Genome_Tile|1
CTGTGTCTAAGCCCTCTACAGCCCCCAAACGAAAACGTACCAAAACCAAAAAGTAATATA
>HPV11_Alpha_333026_nt7301_Genome_Tile|1
TATTTATATGTTGTTGTAGTGTGTATATGTTTCTTGTATTGTGTATATGTGTATATGTTT
>HPV11_Alpha_333026_nt7401_Genome_Tile|1
GTTTGTGTGTTTAGTGTGTGTATATATTTGTGGAATGTGTATGTATGTTTTGTGCAATA
>HPV11_Alpha_333026_nt7441_Genome_Tile|1
ATGTATGTTTTGTGCAATAAACAATTATTATGTGTGTCCTGTTACACCCAGTGACTAAG
>HPV11_Alpha_333026_nt7521_Genome_Tile|1
TTGTGTTGCCTTCATATTATATTATATATATTTGTAATATACCTATACTATGTTACCCCC
>HPV11_Alpha_333026_nt7641_Genome_Tile|1
TGTTTTGTACTAATCCCATATGTTGTGTGCCAAGGTACATATTGCCCTGCCAAGTATCTT
>HPV11_Alpha_333026_nt7681_Genome_Tile|1
ATTGCCCTGCCAAGTATCTTGCCAACAACACACCTGGCCAGGGCGCGGTATTGCATGACT
>HPV11_Alpha_333026_nt7701_Genome_Tile|1
GCCAACAAACACACCTGGCCAGGGCGCGGTATTGCATGACTAATGTACAATAAACCTGTGCG
>HPV11_Alpha_333026_nt7741_Genome_Tile|1
AATGTACAATAAACCTGTGCGTTTGTACAATGTTGTGGATTGCAGCCAAAGGTTAAAAGC
>HPV11_Alpha_333026_nt7761_Genome_Tile|1
GTTTGTACAATGTTGTGGATTGCAGCCAAAGGTTAAAAGCATTTTGGCTTCTAGCTGAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0081_Genome_Tile_rc|1
GTAACCTTCTGGGTCGCTCCTGTGGGTCCTGAAACATTGCAGTTCTCTTTTGGTGCATAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0101_Genome_Tile_rc|1
CAGCTCTGTGCATAACTGTGGTAACTTCTGGGTCGCTCCTGTGGGTCCTGAAACATTGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt0121_Genome_Tile_rc|1
ATATCATGTATAGTTGTTTGAGCTCTGTGCATAACTGTGGTAACTTCTGGGTCGCTCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt0141_Genome_Tile_rc|1
AGTACACACATTCTAATATTATATCATGTATAGTTGTTTGCAGCTCTGTGCATAACTGTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TCGAGTAACCTGTTGCTTGCAGTACACACATTCTAATATTATATCATGTATAGTTGTTTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt0201_Genome_Tile_rc|1
CTATGCATAAATCCCGAAAAGCAAAGTCATATACCTCACGTGCGAGTAACCTGTTGCTTGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt0241_Genome_Tile_rc|1

CATTTATCACATACAGCATATGGATTCCCATCTCTATATACTATGCATAAAATCCCGAAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0301_Genome_Tile_rc|1
GTTCCATACAAACTATAACAATAATGTCTATACTACTAATTTTAGAATAAAACTTTAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TCCACCGACCCCTTATATTATGGAATCTTTGCTTTTTGTCCAGATGTCTTTGCTTTTCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt0461_Genome_Tile_rc|1
ACAAGACATACATCGACCGGTCCACCGACCCCTTATATTATGGAATCTTTGCTTTTTGTCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt0481_Genome_Tile_rc|1
CGTGTTCTTGATGATCTGCAACAAGACATACATCGACCGGTCCACCGACCCCTTATATTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt0741_Genome_Tile_rc|1
TCCAAAGTACGAATGTCTACGTGTGTGCTTTGTACGCACAACCGAAGCGTAGAGTCACAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1021_Genome_Tile_rc|1
AGTAAACAACGCATGTGCTGTCTCTGTTTCTGCCTGTGTTAAATAATCATTCATTTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1061_Genome_Tile_rc|1
GAACCTGTACTGCATCTCTATGTTGTTTTGCTTCCTGTGCAGTAAACAACGCATGTGCTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt1101_Genome_Tile_rc|1
ACTAATATCACTAAGTGGACTACCAAATACTTTCGTTTTAGAACCTGTACTGCATCTCTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt1121_Genome_Tile_rc|1
ATATTATTGTCTACACATCCACTAATATCACTAAGTGGACTACCAAATACTTTCGTTTTTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt1281_Genome_Tile_rc|1
CTGACTACATGGTGTTCAGTCTCATGGCGCCCTTCTACCTGTAAACATCTGCTGAGTTTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1301_Genome_Tile_rc|1
CCCCCACTTCCACCCTATACTGACTACATGGTGTTCAGTCTCATGGCGCCCTTCTACC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TTGTAAAGTGGTGTTCGGCATATAGTGTGCTTTCACCTAACACCTCTCCCCCACTTCCAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TTTTAGTACATTTAAAATATTTGTAAGTGGTGTTCGGCATATAGTGTGCTTTCACCTAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1421_Genome_Tile_rc|1
GCTGCCTTTGCATTACTAGTTTTTAGTACATTTAAAATATTTGTAAGTGGTGTTCGGCAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CTTTAAATTTTGCTAACATTGCTGCCTTTGCATTACTAGTTTTTAGTACATTTAAAATAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1501_Genome_Tile_rc|1
ACGTTGATTTATTACTTTTAAATGGTCTTACTAATTCTGAAAACTCACCCCGTATAACT
>HPV16_Alpha_9627100_nt1561_Genome_Tile_rc|1
TTTTTATACTGTCAGCTATACTGGGTGTAAGTCCAAATGCAGCAATACACCAATCGCAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1581_Genome_Tile_rc|1
ACAATATTGTTGTAATAGTGTTCCTTATACTGTCAGCTATACTGGGTGTAAGTCCAAATGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt1601_Genome_Tile_rc|1
CTTTGAATGTGTAAATATAACAATATTGTTGTAATAGTGTTCCTTATACTGTCAGCTATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt1741_Genome_Tile_rc|1
GCAATTTTGAGGCTCTATCATCATACACATTGGAGACACACATAATAGTTTAGACAGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2181_Genome_Tile_rc|1
TGCAGTTAAAAATGACATAAACTCTACACCTTGATACCTTAAAAACATAACAATTTGCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt2201_Genome_Tile_rc|1
CCTTGCAAAAATCTTTTAAATGCAGTTAAAAATGACATAAACTCTACACCTTGATACCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt2241_Genome_Tile_rc|1
AGCTGCACCATATAGTAATATGCAATTTTTTTTAGGTATGCCTTGCAAAAATCTTTTAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2321_Genome_Tile_rc|1
CTTTTAGAATTTACAAAACATATTACAGACCTTGCAGAAATTTTCATTAACTCATACCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2521_Genome_Tile_rc|1
CTGTACCAGCATTAATGTTAGATGTAATTAATAATGGAGGGCATTTTAGTTGTACCAATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt2541_Genome_Tile_rc|1
TAAATAAGGCCACCTAGAATCTGTACCAGCATTAATGTTAGATGTAATTAATAATGGAGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt2821_Genome_Tile_rc|1
AATAGCACATTCTAGGCGCATGTGTTTCCAATAGTCTATATGGTCACGTAGGTCTGTACT

>HPV16_Alpha_9627100_nt2841_Genome_Tile_rc|1
ATTTCTCTGGCCTTGTAATAAATAGCACATTCTAGGCGCATGTGTTTCCAATAGTCTATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt2941_Genome_Tile_rc|1
TATTGTTTCTAACGTTAGTTGCAGTTCAATTGCTTGTAATGCTTTATTCTTTGATACAGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt2961_Genome_Tile_rc|1
TTACTATATTGTGAGTTATATATTGTTTCTAACGTTAGTTGCAGTTCAATTGCTTGTAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt2981_Genome_Tile_rc|1
CTTGTAATGTCCACTTTTTCATTACTATATTGTGAGTTATATATTGTTTCTAACGTTAGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3001_Genome_Tile_rc|1
ATACACTTCAAGGCTAACGCTCTTGTAATGTCCACTTTTTCATTACTATATTGTGAGTTATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3021_Genome_Tile_rc|1
CATCCTGTTGGTGCAGTTAAATACACTTCAAGGCTAACGCTTGTAATGTCCACTTTTCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3081_Genome_Tile_rc|1
ATTGTATTGCATATGTCTCCATCAAACCTGCACTTCCACTGTATATCCATGTTTTTTTATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TTCATGAACATAATATAAACCATAATAGTCAACTTGACCCTCTACCACAGTTACTGATGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt3201_Genome_Tile_rc|1
ACAAAATATGTTTCGTATTCCTTCATGAACATAATATAAACCATAATAGTCAACTTGACCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt3341_Genome_Tile_rc|1
CCAAGTGCTGCCTAATAATTTTCAGGAGAGGATACTTCGTTGCTGCTAAACACAGATGTAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3381_Genome_Tile_rc|1
AAGGCGACGGCTTTGGTATGGGTCGCGGCGGGGTGGTTGGCCAAGTGCTGCCTAATAATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3421_Genome_Tile_rc|1
TCTTGGTTCGCTGGATAGTCGTCTGTGTTTCTTCGGTGCCCAAGGCGACGGCTTTGGTATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3541_Genome_Tile_rc|1
ATTACAGTTAATCCGTCCTTTGTGTGAGCTGTAAATGCAGTGAGGATTGGAGCACTGTC
>HPV16_Alpha_9627100_nt3561_Genome_Tile_rc|1
ACTATGGGTGTAGTGTTACTATTACAGTTAATCCGTCCTTTGTGTGAGCTGTAAATGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TTGCCATTCACTATCATATGTAAGTGTAACAATTGCACTTTTATGTTTACATTATGTCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TGAGACAAAAATTGGTCACGTTGCCATTCACTATCATATGTAAGTGTAACAATTGCACTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TAGTTTTTGGTATTTTAACTTGAGACAAAAATTGGTCACGTTGCCATTCACTATCATATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3781_Genome_Tile_rc|1
AAATCCAGTAGACACTGTAATAGTTTTTGGTATTTTAACTTGAGACAAAAATTGGTCACG
>HPV16_Alpha_9627100_nt3801_Genome_Tile_rc|1
AAGATTTGTTCATATAGACATAAATCCAGTAGACACTGTAATAGTTTTTGGTATTTTAACT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3821_Genome_Tile_rc|1
AATGTTGTGGATGCAGTATCAAGATTTGTTCATATAGACATAAATCCAGTAGACACTGTAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt3841_Genome_Tile_rc|1
AAAGCAAAAAGCACGCCAGTAATGTTGTGGATGCAGTATCAAGATTTGTTCATATAGACAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3881_Genome_Tile_rc|1
CGGACGTATTAATAGGCAGACACACAAAAGCACACAAAGCAAAAGCACGCCAGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3901_Genome_Tile_rc|1
GTAGACACAGACAAAAGCAGCGGACGTATTAATAGGCAGACACACAAAAGCACACAAAGC
>HPV16_Alpha_9627100_nt3961_Genome_Tile_rc|1
CTAAACGCAGAGGCTGCTGTTATCCACAATAGTAATACCAATATTATTAATGATGTGTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TAATATATACAATAAAACACCTAAACGCAGAGGCTGCTGTTATCCACAATAGTAATACCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AAAAATAGTAAGTTATGGTATACAACAATTATATGTAACAATTACATTATGTACATATAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ATATATGAAAAATAAAAAAGAAAAAATAGTAAGTTATGGTATACAACAATTATATGTAACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4141_Genome_Tile_rc|1

AACAAACAAAAAAAAAATTATATATGAAAATAAAAAAGAAAAATAGTAAGTTATGGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AGTTTATTAACAAACAAACAAACAAAAAAAAAATTATATATGAAAATAAAAAAGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4181_Genome_Tile_rc|1
TCGCATTGTTAAGTAATAACAGTTTATTAACAAACAAACAAACAAAAAAAAAATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CGTTTTGCAGAACGTTTGTGTCGCATTGTTAAGTAATAACAGTTTATTAACAAACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4341_Genome_Tile_rc|1
CAAAAAATACACCCATACTTCCATATTGTAATATTTGTTTCAGCAATAGTTTGCCTTCAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4461_Genome_Tile_rc|1
CTACTGTTAAAGGGGTCTTACAGGAGCAAGTGTATCTGTAGCTGTGGGAGGCCTTGTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4481_Genome_Tile_rc|1
ATCAGAAGGGCCCACAGGATCTACTGTTAAAGGGGTCTTACAGGAGCAAGTGTATCTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TCTGGGGGAATGGAAGGTACAGATGTTGGTGCACCAGCATCAATAAACTAGTTTCTTCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt4581_Genome_Tile_rc|1
TAATACTAAATCCTGATACATCTGGGGGAATGGAAGGTACAGATGTTGGTGCACCAGCAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TGTGGTATCAGTTGAAGTAGTAATACTAAATCCTGATACATCTGGGGGAATGGAAGGTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt4621_Genome_Tile_rc|1
TTAATATCTAATATAGCAGGTGTGGTATCAGTTGAAGTAGTAATACTAAATCCTGATACA
>HPV16_Alpha_9627100_nt4641_Genome_Tile_rc|1
TAACAGTAGTAACAGTATTATTAATATCTAATATAGCAGGTGTGGTATCAGTTGAAGTAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt4661_Genome_Tile_rc|1
AGTGGGATTATTATGTGTAGTAACAGTAGTAACAGTATTATTAATATCTAATATAGCAGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt4841_Genome_Tile_rc|1
CACTGGGCGAGACCCTGGTATGGGTGTGCTACTAGTTACTGTGTTAGGGTTTGTGCTAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5001_Genome_Tile_rc|1
TAATACTATTATCATTACTAGAAAAATATAATGTATTATCCACATCTATACCTTCATATG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5021_Genome_Tile_rc|1
GTCAGGATCTGGAGCTATATTAATACTATTATCATTACTAGAAAAATATAATGTATTATC
>HPV16_Alpha_9627100_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TTGTAATTCTATTTCTTCTGCAGGATCAATAGTACTTAAATCATAATAATAATGTACCTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TATGTAGAAGGTGTTATAGTTTGTAAATCTATTTCTTCTGCAGGATCAATAGTACTTAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5241_Genome_Tile_rc|1
CTGCATGTGAAGTGGTAGTATATGTAGAAGGTGTTATAGTTTGTAAATCTATTTCTTCTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5261_Genome_Tile_rc|1
ATTAATAGAAGTAGGTGAGGCTGCATGTGAAGTGGTAGTATATGTAGAAGGTGTTATAGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TAAATATCATATAATCCATTATTAATAGAAGTAGGTGAGGCTGCATGTGAAGTGGTAGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5301_Genome_Tile_rc|1
CTGTAATAAAGTCATCTGCATAAATATCATATAATCCATTATTAATAGAAGTAGGTGAGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TACCGGGGTGTAGAAGTATCTGTAATAAAGTCATCTGCATAAATATCATATAATCCATT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GATGTAGAGGGTACAGATGGTACCGGGGTGTAGAAGTATCTGTAATAAAGTCATCTGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5361_Genome_Tile_rc|1
CAGGAATATAACCTGATAAAGATGTAGAGGGTACAGATGGTACCGGGGTGTAGAAGTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GGAATATTGTATGCACCACCAAAGGAATTGTTGTATTTGCAGGAATATAACCTGATAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TATCAGGACCTGATACTAAAGGAATATTGTATGCACCACCAAAGGAATTGTTGTATTTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GGAATTAATGAAGGAGCTTGGTCAGTTATATTAATGGGTATATCAGGACCTGATACTAAA

>HPV16_Alpha_9627100_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GTGGAGACCCCTGGAACCTATAGGAATTAATGAAGGAGCTTGGTCAGTTATATTAATGGGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt5501_Genome_Tile_rc|1
ATCAGCAATAATTGTATATTGTGGAGACCCCTGGAACCTATAGGAATTAATGAAGGAGCTTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6021_Genome_Tile_rc|1
AGATATACATTCTCTATTATCCACACCTGCATTTGCTGCATAAGCACTAGCATTTTCTGT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6121_Genome_Tile_rc|1
GATTTACTGCAACATTGGTACATGGGGATCCTTTGCCCCAGTGTTCCCTTATAGGTGGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6161_Genome_Tile_rc|1
ATAACTGTGTTTATTAACCTAATGGTGGACAATCACCTGGATTTACTGCAACATTGGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6421_Genome_Tile_rc|1
ACCCAGAGCCTTTAATGTATAAATCGTCTGGTACATTTTCACCAACAGTACCAGCCCTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6461_Genome_Tile_rc|1
GGTGTAGGAAAATAATTTGAACTGGCTAAATTTGCAGTAGACCCAGAGCCTTTAATGTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6641_Genome_Tile_rc|1
TATGTAGTTTCTGAAGTAGATATGGCAGCACATAATGACATATTTGTACTGCGTGTAGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt6861_Genome_Tile_rc|1
TTGACAAGCAATTGCCTGGGTTACAAACCTATAAGTATCTTCTAGTGTGCCTCCTGGGGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt6881_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGGAGGTGTATGTTTTTTGACAAGCAATTGCCTGGGTTACAAACCTATAAGTATCT
>HPV16_Alpha_9627100_nt6921_Genome_Tile_rc|1
TTCCCAAAAAGTGATTTTTTTAAGGGGATCATCTTCTTTAGGTGCTGGAGGTGTATGTTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7021_Genome_Tile_rc|1
ATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCTTGTAGTAAAAATTTGCGTCCTAAAGGAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7041_Genome_Tile_rc|1
TGTAGCTTTTTCGTTTTCTTAATGTAAATTTTGGTTTGGCCTTCAATCCTGCTTGTAGTAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7061_Genome_Tile_rc|1
GAGGTAGATGAGGTGGTGGGTGTAGCTTTTCGTTTTCTTAATGTAAATTTTGGTTTGGCC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7101_Genome_Tile_rc|1
CAATACTTACAGCTTACGTTTTTTTGCCTTTAGCAGTTGTAGAGGTAGATGAGGTGGTGGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7121_Genome_Tile_rc|1
ACACTAATTCAACATACATACAATACTTACAGCTTACGTTTTTTGCGTTTAGCAGTTGTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7141_Genome_Tile_rc|1
AAACATATACACAACAACAACACTAATTCAACATACATACAATACTTACAGCTTACGTT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7161_Genome_Tile_rc|1
AAGCACATACAAGCACATACAACATATACACAACAACAACACTAATTCAACATACATA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TATACCATACATACAACACACATACAACCTTAATATTTACAAGCACATACAAGCACATAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7241_Genome_Tile_rc|1
AGTTACACAAGCATTTAAAAACACATACACACGTGTTTATTATACCATACATACAACAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7261_Genome_Tile_rc|1
TTTATGTTGCATGACACAATAGTTACACAAGCATTTAAAAACACATACACACGTGTTTAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7281_Genome_Tile_rc|1
GTGTTGAAACAATAAGTTTATTTATGTTGCATGACACAATAGTTACACAAGCATTTAAAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7301_Genome_Tile_rc|1
AACCACAACACAATTAGTAGGTGTTGAAACAATAAGTTTATTTATGTTGCATGACACAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ATAGTTTATATACAATGAATAACCACAACACAATTAGTAGGTGTTGAAACAATAAGTTTA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7341_Genome_Tile_rc|1
AAAAACAGGATGTAGCAAATATAGTTTATATACAATGAATAACCACAACACAATTAGTAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7361_Genome_Tile_rc|1
AAATATAGTATATATAAAAACAAAACAGGATGTAGCAAATATAGTTTATATACAATGAAT
>HPV16_Alpha_9627100_nt7461_Genome_Tile_rc|1
ACCATAGTTGCTGACATAGAAGTATTTAAAAAACACATTTTGTGCCAAAAAGCATGCAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7501_Genome_Tile_rc|1

GATTTGGCACGCATGGCAAGCAGGAAACGTACAAGTTTAAACCATAGTTGCTGACATAGA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7541_Genome_Tile_rc|1
AATGGAATGGTTGGCAAGCAGTGCAGGTCAGGAAAACAGGGATTTGGCACGCATGGCAAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7581_Genome_Tile_rc|1
ATAGTGATTTCAGTAGTTGCACATAGTGCAGTGTAACCAATGGAATGGTTGGCAAGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7601_Genome_Tile_rc|1
TTTTATATGACACAATGTACATAGTGATTTCAGTAGTTGCACATAGTGCAGTGTAACCAAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7621_Genome_Tile_rc|1
CGTTGGCGCATAGTGATTTATTTTATATGACACAATGTACATAGTGATTTCAGTAGTTGCA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7641_Genome_Tile_rc|1
CCTAACAGCGGTATGTAAGGCGTTGGCGCATAGTGATTTATTTTATATGACACAATGTAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7701_Genome_Tile_rc|1
AAGTTTAAACCTTATGCCAATATGCAATTAGGTTAGTTAAACAAGCCAAAAATATGTG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7741_Genome_Tile_rc|1
AGTTCATGTATGAACTAGGGTGACATTTAGTTGGCCTTAGAAGTTTAAACCTTATGCCAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7761_Genome_Tile_rc|1
TGTATGACTAACCTTTACACAGTTCATGTATGAACTAGGGTGACATTTAGTTGGCCTTAG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7781_Genome_Tile_rc|1
GCAGTTTACAAATGAACAATGTATGACTAACCTTTACACAGTTCATGTATGAACTAGGG
>HPV16_Alpha_9627100_nt7801_Genome_Tile_rc|1
CGGTTTGCACACCCATGTGCAGTTTACAAATGAACAATGTATGACTAACCTTTACAC
>HPV16_Alpha_9627100_nt7821_Genome_Tile_rc|1
GTAAATGTGTAACCCAAAATCGGTTTGCACACCCATGTGCAGTTTACAAATGAACAA
>HPV16_Alpha_9627100_nt7841_Genome_Tile_rc|1
TATTATTATATAAGTTGCTTGTAATGTGTAACCCAAAATCGGTTTGCACACCCATGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0001_Genome_Tile_rc|1
TACACCTATATTTCTTATACAAACATTATAATTTATAATAATGAGTAAGAAGTAGAACAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0021_Genome_Tile_rc|1
TCGGTTACACCGTTTTTCGGTTACACCTATATTTCTTATACAAACATTATAATTTATAATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0081_Genome_Tile_rc|1
GTCCCCGCTGGACATAGCTAAATCTGCTGAACCAAGCATTGCTTTATATATGCACCCATT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0121_Genome_Tile_rc|1
CGTACTGGTTACACAGTCTGAAGAGGTTGGTGGGGTATGCGTCCCCGCTGGACATAGCTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0141_Genome_Tile_rc|1
CAGGTCCCTGCAGGTCCACGTCGTACTGGTTACACAGTCTGAAGAGGTTGGTGGGGTATGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0201_Genome_Tile_rc|1
ATATGCAAGGCCACGACTTCACGTCTGTAAATTGTTCTGCAGAATATGCAGGTTAGGTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0301_Genome_Tile_rc|1
ATTGCCAATATCTAAGTTGCCTTAGTTTTCCAGCTATTTCCAAACAGCAGGCACATGCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt0321_Genome_Tile_rc|1
TGTGTTTGCAAAGCCTGAAAATTGCCAATATCTAAGTTGCCTTAGTTTTCCAGCTATTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0341_Genome_Tile_rc|1
GTTCCGGTGTCTAATTCCTACTGTGTTTGCAAAGCCTGAAAATTGCCAATATCTAAGTTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0361_Genome_Tile_rc|1
TTAGTTGCTCTGTAAGTGGCGTTCCGGTGTCTAATTCCTACTGTGTTTGCAAAGCCTGAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0381_Genome_Tile_rc|1
GTGACACACGTAGCACCGTATTAGTTGCTCTGTAAGTGGCGTTCCGGTGTCTAATTCAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TCCACACTACACAATGGCTTGTGACACACGTAGCACCGTATTAGTTGCTCTGTAAGTGGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0421_Genome_Tile_rc|1
CTGTAATTATTCTTTCTTTTCCACACTACACAATGGCTTGTGACACACGTAGCACCGTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TTTATGAAATCGCCTGCCTTCTGTAATTATTCTTTCTTTTCCACACTACACAATGGCTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt0541_Genome_Tile_rc|1
AACCTCTGGCTGTAGCTGCAGGACAATGTCTTTAAGGTACATTGTTGGCCTCGCATGGTT

>HPV71_Alpha_12084981_nt0861_Genome_Tile_rc|1
AATAGCTTCTACAAAAAACCACTCCCGCGCCTGTTCCCGCTTCGCCCCATCATCATC
>HPV71_Alpha_12084981_nt0901_Genome_Tile_rc|1
CCTCATCACTGGATGGCTGTGGGCCGGTACATCTGTCCACAATAGCTTCTACAAAAAAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt1141_Genome_Tile_rc|1
CTTTTTGGGATTCCCTGCCTATGGATATAGCATCTAGCCGCGGGCTTAACTCTTTGTCTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt1261_Genome_Tile_rc|1
CCTGTTCTGTGTGCAGCCCCCTGGCGTCCCGTCCCTTGGTACCTGGTTTCCTGCCGCTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt1601_Genome_Tile_rc|1
CACTTATATCGCAACAGCATTAATATAACCACTCCCCAGGAACATGTTTGTGTGTATG
>HPV71_Alpha_12084981_nt2081_Genome_Tile_rc|1
ACTATTGTTTCGCCAATCCCCTTCTTCTGTTATTTTAGCACTTCTAAATGATATCCATTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt2101_Genome_Tile_rc|1
CCTGGTGTCTTAAATATTTTACTATTGTTCGCCAATCCCCTTCTTCTGTTATTTTAGCAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt2261_Genome_Tile_rc|1
TTGGCATAGGAAATGACAACCCCAACCAAAACCGTAATAGGCTCATGCAAAAATAGGAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt2361_Genome_Tile_rc|1
TAGATATACATCTATATAGCTCCAGCAATTAGGGGTACATCATCTATTAGTCCTAATTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt2441_Genome_Tile_rc|1
AACAATGGGGGACACTTTAACTGCAGTAATGGCCTGTGTTTTCTATCTATACATATTTGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt2901_Genome_Tile_rc|1
GGACTGTTAAGTAATGTCTTTAATGCCAACTGAATTTCAATTGCTTTACAAGCTTTGGCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3021_Genome_Tile_rc|1
TCCTCTTTTGCAATCGTATCGCACTTCTACAGTGTAGCCTTTTTTTTTTCCAGCATTGCTTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3041_Genome_Tile_rc|1
ATGTGTAACACATTGTCTTTTCTCTTTGCAATCGTATCGCACTTCTACAGTGTAGCCTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3061_Genome_Tile_rc|1
CACATATATTTCCCTCCAACATGTGTAACACATTGTCTTTTCTCTTTGCAATCGTATCG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3081_Genome_Tile_rc|1
GTCTCATTTGTACTGTTTTGCACATATATTTCCCTCCAACATGTGTAACACATTGTCTTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TATGCCCGCATGGTCCACCAGGCCACACACTTTTTCCCATGTCTCATTTGTACTGTTTTG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3141_Genome_Tile_rc|1
ATCCCATCGTGTAATAGTATATGCCCGCATGGTCCACCAGGCCACACACTTTTTCCCAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3161_Genome_Tile_rc|1
ATAATACACAGTCTACACGTATCCCATCGTGTAATAGTATATGCCCGCATGGTCCACCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TATTACTGCTTCCTTGGAGAATAATACACAGTCTACACGTATCCCATCGTGTAATAGTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3201_Genome_Tile_rc|1
CAGATGCCTGTGTCCCATATATTACTGCTTCCTTGGAGAATAATACACAGTCTACACGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3341_Genome_Tile_rc|1
TGGAGGCCTGTTGGGGGTGCGAGTCGGGTCCGTGGTCAGTAGGTTAATAGTGGGTACTT
>HPV71_Alpha_12084981_nt3701_Genome_Tile_rc|1
ACAATGTTACAAATGTTGTTTTACATGTATTGTCCTCTGTGCCAGTGGCCCAATGCCACG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TGCCCTTAGGAATATGTACAGTGGCTAGAAATTGTGCCCGCTGTTCCACACTATCATGCC
>HPV71_Alpha_12084981_nt3801_Genome_Tile_rc|1
GATTATGCAACAATGACATATATCCTGGTAAGGCCTCTATGCCCTTAGGAATATGTACA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3821_Genome_Tile_rc|1
ATATATACAATATTTACAAAGATTATGCAACAATGACATATATCCTGGTAAGGCCTCTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CAGACACCCAGCATAGAAAGGGCTCCAGCACTACAGGTAGGTGTGTACCCTTAACGTTCC
>HPV71_Alpha_12084981_nt3941_Genome_Tile_rc|1
AGCCAAAAGCTAATTAGTAGTAGTAGTGCATAGGTCCATGCAGACACCCAGCATAGAAAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3961_Genome_Tile_rc|1

TAAGAGAAGATAAAAATAGACAGCCAAAAGCTAATTAGTAGTAGTAGTGCATAGGTCCATG
>HPV71_Alpha_12084981_nt3981_Genome_Tile_rc|1
AAAAAAAATTAAAAAGGCAGTAAGAGAAGATAAAAATAGACAGCCAAAAGCTAATTAGTAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt4001_Genome_Tile_rc|1
AACCCAAGAAACACAGTAACAAAAAAATTTAAAAAGGCAGTAAGAGAAGATAAAAATAGAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CCTGTATATATAGTGCTAGAAACCCAAGAAACACAGTAACAAAAAAATTTAAAAAGGCAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GTGGTAGTCACAAAGTCACAGTTAGGTAAGGGACGCTGCTGCCTGTATATATAGTGCTAGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TGCAATCTATAACACAAATGGATAGGTTATGTACACGTAGTAGCAGTATTGGCTGGTTGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ACCACAACAGGATACATATATGCAATCTATAACACAAATGGATAGGTTATGTACACGTAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CCACACCACAATATCATAATGTCCGCCTTGGGAATCCTTTACCACAACAGGATACATATA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4221_Genome_Tile_rc|1
ACACTAAAAACACAAACAATACATCTACATCATCAGGGCCCCACACCACAATATCATAAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4241_Genome_Tile_rc|1
AAGCAACATAAGACACACCAACACTAAAAACACAAACAATACATCTACATCATCAGGGCC
>HPV71_Alpha_12084981_nt4261_Genome_Tile_rc|1
ATCAACCGTAACAAAAACAGAAGCAACATAAGACACACCAACACTAAAAACACAAACAAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4281_Genome_Tile_rc|1
AAAGGGGGGGTACCTACTGCATCAACCGTAACAAAAACAGAAGCAACATAAGACACACCA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4301_Genome_Tile_rc|1
TGTATAAACAGGGCAATACAAAAGGGGGGTACCTACTGCATCAACCGTAACAAAAACAG
>HPV71_Alpha_12084981_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TAAATGTGTTTATTTACACACACAGGCACACACAAAAAAACAAAAACAAAAACCAAATAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4781_Genome_Tile_rc|1
GATGCTGTAGTGACCTCAAACCCACCTGTGCCAGTAAAGTTAGGATATGGTGCTCCTGCT
>HPV71_Alpha_12084981_nt4861_Genome_Tile_rc|1
AGGATGGGTAGTAAACTACTGCTACTAACCTGCACAGTGTTACCTGGAGTAATGTCTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt4921_Genome_Tile_rc|1
CCAAAATATGTCCCGAAACCTCACCTGTTTGAGGGGGCTCCACTAAGGCAGGTTTCAGTAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5141_Genome_Tile_rc|1
ACAGGGTTGTCATATGTAACCATAGATGCAGGGTGGCGAAGAAATGTGGATTCATCCACC
>HPV71_Alpha_12084981_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GTCCTAAACGACTGAAACGTACCGTACCTTTACGGGCAGTAAGGGCCGGCCTGTGCAAGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5401_Genome_Tile_rc|1
AGGCCCCGCCCTAGTGGCTGCAGTTCTAAGTGTTTCGGTGGGTGTATAGGGCTAATGTCAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GTCAATAGGTTCTTGTGTGAAGGCCCCCCTAGTGGCTGCAGTTCTAAGTGTTTCGGTGGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5441_Genome_Tile_rc|1
AGATATATGTCATATAATGTGTCAATAGGTTCTTGTGTGAAGGCCCCGCCCTAGTGGCTGC
>HPV71_Alpha_12084981_nt5481_Genome_Tile_rc|1
AAGTAGGTTGAATGACAGTATCATTGGAATAATCTGTGTCAGATATATGTCATATAATGT
>HPV71_Alpha_12084981_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TGTAGGCCTGCTGGACACAGAAGTAGGTTGAATGACAGTATCATTGGAATAATCTGTGTC
>HPV71_Alpha_12084981_nt5521_Genome_Tile_rc|1
CAGAGGGGTATAGTAGGTGTAGGCCTGCTGGACACAGAAGTAGGTTGAATGACAGTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5561_Genome_Tile_rc|1
TTTTGTGTGCGAGAGGCAGACACGGCTGATGTGGCAGTTACAGAGGGGTATAGTAGTAGG
>HPV71_Alpha_12084981_nt5601_Genome_Tile_rc|1
CACTGGAACATCTGCTCCTGCAGACAAAAGTGCTGTAACATTTTGTGTGCGAGAGGCAGA
>HPV71_Alpha_12084981_nt5621_Genome_Tile_rc|1
TCAATGTCAGGGCCATCAAACACTGGAACATCTGCTCCTGCAGACAAAAGGTGCTGTAACA

>HPV71_Alpha_12084981_nt5681_Genome_Tile_rc|1
CTGGGAGGTGCAATGGACGGCACTACAGGAGTAGGAGTAGTGGCATGGGAGGTGGAAAAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt7421_Genome_Tile_rc|1
CGCACAGTATATACACACGTACACAACAACATACAATATACACAACAAACACATATACAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7501_Genome_Tile_rc|1
ACAGGGGTGCAACCAAATAACACACATACATGACACGCATTTATTAACAACACAAACATG
>HPV71_Alpha_12084981_nt7561_Genome_Tile_rc|1
GTCACCTGGTCAGTAAGGCGTCACCGGACAGGGGGGTTATATCTGCTTGCACACTTACTC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7721_Genome_Tile_rc|1
GTATGCACACCTGTGTTGGAAAGGATATGAAGCAATACAAGGATTACCCATTGTATAGTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt7741_Genome_Tile_rc|1
GCCAGGCACACCTTATGATGGTATGCACACCTGTGTTGGAAAGGATATGAAGCAATACAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt7801_Genome_Tile_rc|1
GGTGAGTAACACATGTATTAAAGTTAATTATAACATGCATTTATAGTGTGCCAAATAACT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7821_Genome_Tile_rc|1
CCAAACAATGGGTATTGCACGGTGAGTAACACATGTATTAAAGTTAATTATAACATGCAT
>HPV71_Alpha_12084981_nt7841_Genome_Tile_rc|1
AGTCAGCACAACTATATGCCCCAAACAATGGGTATTGCACGGTGAGTAACACATGTATTA
>HPV71_Alpha_12084981_nt7861_Genome_Tile_rc|1
AAACGTACTTAGGCGAACATAGTCAGCACAACTATATGCCCCAAACAATGGGTATTGCAC
>HPV71_Alpha_12084981_nt7921_Genome_Tile_rc|1
AAGTACATTATAAAAGTTAGCAGACACATTCTTGGACAGAACTACACTGCTGTTGCCAA
>HPV71_Alpha_12084981_nt7941_Genome_Tile_rc|1
TGTGTATAAAACCATGTTGCTAAGTACATTATAAAAGTTAGCAGACACATTCTTGGACAGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TTGGATTGCACGGTCCCATAGATGAGTGTGCTTTGCTGACCCTACGGTTTCTTTATATAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt0421_Genome_Tile_rc|1
CAGCTATATAGTGGAAGTGGATGTATGCCTGTACCTGATGCTCCTTTTCCTGTATACTTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt1321_Genome_Tile_rc|1
CGCCTGCTCCTGCGCTTGCCTTTCTGCTTACCTGTGGCCTCGGCCTCTCCGTCCCCCCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt1361_Genome_Tile_rc|1
CTTTTAAATTACTAACCTTAAACACCTCTAATATGTCTGCCGCTGCTCCTGCGCTTGCG
>HPV61_Alpha_9628574_nt1381_Genome_Tile_rc|1
GAATTTGTACAGTAATTTTGCTTTTAAATTACTAACCTTAAACACCTCTAATATGTCTGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt2521_Genome_Tile_rc|1
CTTATGTAAAACTGAAACACCACTATTCTACTGTGCAGGTATTTAAACGTAGGATCCTC
>HPV61_Alpha_9628574_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TCAGGGTATATACTGGGTCCCCATTACTGTTTAGTGGACACTTATGTAAAACTGAAACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt3081_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGTGCTTTGTACATAAATATACCCCCAACTAACGTATTCCACTGCTTTGTGGTCCT
>HPV61_Alpha_9628574_nt3101_Genome_Tile_rc|1
AACCTTATACCACAGATCAGTTTCTGTGCTTTGTACATAAATATACCCCCAACTAACGTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt3141_Genome_Tile_rc|1
CCATTTTATAATATAGGCCCTTATATGACACTTTTCCAGGAACCTTATACCACAGATCAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt3161_Genome_Tile_rc|1
ATAATAGTGTTCCTGTCCCTCCATTTTATAATATAGGCCCTTATATGACACTTTTCCAGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt3181_Genome_Tile_rc|1
GCCTCCTGTGCAAATGTACATAAATAGTGTTCCTGTCCCTCCATTTTATAATATAGGCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TTGTATACCCTTTGGAATGGTTACACGATTTAAAAATTGTTTTTCGTTGTTCCACATTAAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CGTCCAGGATTGTTTATGGTTTACACAATAATGCAGGTGTGGTATGTAAATAGCTGTAGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt4041_Genome_Tile_rc|1
TTGCATGTATATGCACAACAATCCTACATATATGGCACAGAAAAACCAAAAAATGCGCT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4141_Genome_Tile_rc|1

ATACATATTGCAAACGAACAACAGACACAAGGAACACTATTTACATATGAGCAGCAGTGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4161_Genome_Tile_rc|1
GGGGAACCTAACTACAAGGGGATACATATTGCAAACGAACAACAGACACAAGGAACACTAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CCAGTAATGCAAACCCCTGAGGGGAACCTAACTACAAGGGGATACATATTGCAAACGAACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4201_Genome_Tile_rc|1
GCAGTTTTGCTGATCCACAACCAGTAATGCAAACCCCTGAGGGGAACCTAACTACAAGGGG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4221_Genome_Tile_rc|1
AAAAACAAAAATAACAATCCGCAGTTTTGCTGATCCACAACCAGTAATGCAAACCCCTGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TTGCAATAAGCAGTAATAGCAAAAACAAAAATAACAATCCGCAGTTTTGCTGATCCACAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TAAAGCCTGTACAACAGTATTGCAATAAGCAGTAATAGCAAAAACAAAAATAACAATCC
>HPV61_Alpha_9628574_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ACAAGGTACACCACCTAATGTAAAAGCCTGTACAACAGTATTGCAATAAGCAGTAATAGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt4321_Genome_Tile_rc|1
AAAATATAACAAAGTAAAAAACTGTGGGGAGGGGAAAACACACAAGGTACACCACCTAATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4361_Genome_Tile_rc|1
CGTTTAAGAGCCATAATGTTTATTAGGCCATAAACATATAAAAAATATAACAAAGTAAAAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt4681_Genome_Tile_rc|1
CAATGACGCTGGATTCCCTCTACAAGGGTAACATATAGAGGGATCGGCAGCACCCACTGGAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4761_Genome_Tile_rc|1
CACAGCCGGGGTGGTAGTAGAAGACGACGTGACATTGAAGCCCCCGGACCCGAAAATGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CCCGATGGAGTAATGTCCAACACAGCCGGGGTGGTAGTAGAAGACGACGTGACATTGAAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt4981_Genome_Tile_rc|1
CAGGCAGCGGGTACTACTTCCAGGACCCTCAGAGGTAGCAAAGGTGTGCATTGGGATTT
>HPV61_Alpha_9628574_nt5081_Genome_Tile_rc|1
AAGGAGGCTGGATCAGACATAAATGTAGGGTTAGCAACCTTAATTTGTTGGTTAGCCTTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TCATATGTTATACTAGGGGACGAGGACGGCACCAAAGGCTGTAACCTCCACAGCATCCGAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TTGTGCAGGAAGATCCAACACCTCAGGGTCAGCATATATATCATATGTTATACTAGGGGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GTAAGTGTGGGTTGTGTATGTTGTGCAGGAAGATCCAACACCTCAGGGTCAGCATATATA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AGAGGGAAGGGCCCTGTACTGTAAGTGTGGGTTGTGTATGTTGTGCAGGAAGATCCAACA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GGTAGATGCAGATGCAGCAGAGAGGGAAGGGCCCTGTACTGTAAGTGTGGGTTGTGTATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt5501_Genome_Tile_rc|1
ACAGTGACATTGTGTACCTTGGTAGATGCAGATGCAGCAGAGAGGGAAGGGCCCTGTACT
>HPV61_Alpha_9628574_nt5561_Genome_Tile_rc|1
TGTGCAAAATCAACATCAGGGCCAGATGTCACAGGCGTATCAAGCCCTGTGGCCAGTGGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5881_Genome_Tile_rc|1
GCCCTGCAGCCCATCAAGCTGCAAACTACAATAGGGATGTCCTACAGTAAGCAGACGGGA
>HPV61_Alpha_9628574_nt5901_Genome_Tile_rc|1
TTGGGGATAGTGTCTTTCTTGCCCTGCAGCCCATCAAGCTGCAAACTACAATAGGGATGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6281_Genome_Tile_rc|1
TTGTAAATTCCAATGGAGGACAGTCAGTGGGCCGGGGCGGGGTTAGCACAAGCAGTAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt6781_Genome_Tile_rc|1
TGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCAGTACAAATGGTTAAATTAGTACT
>HPV61_Alpha_9628574_nt6801_Genome_Tile_rc|1
CGCAAAATATCCCTAAAGCTTGTGGCTTTATATTCAGATACAGGGGGGGATGTAGCAGTA
>HPV61_Alpha_9628574_nt6981_Genome_Tile_rc|1
GCTCTGGACTGCAAAAACCTATATGTGTCTTCTAAACTGGTAGAGGGTGGTGGTACCACA

>HPV61_Alpha_9628574_nt7261_Genome_Tile_rc|1
AACAAACACATGCACAACAACAGCATACAGACAAACATCACTACTGTTTACGCTTTTTTGCG
>HPV61_Alpha_9628574_nt7321_Genome_Tile_rc|1
TCATACAAACCAGGCACCATACAAACAGCACATGCACAAGGCCAGTACAGCACAATACAA
>HPV61_Alpha_9628574_nt7361_Genome_Tile_rc|1
CAGTACAGGGTCACACAATACACAACCATAGCAAATACAGTCATACAAACCAGGCACCAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7381_Genome_Tile_rc|1
ACAACACAGGGGACAAGGGTCAGTACAGGGTCACACAATACACAACCATAGCAAATACAG
>HPV61_Alpha_9628574_nt7401_Genome_Tile_rc|1
AACACACATTCCACAGATACACAACACAGGGGACAAGGGTCAGTACAGGGTCACACAATA
>HPV61_Alpha_9628574_nt7521_Genome_Tile_rc|1
GGAACACAGAAATGGGGAAGCTGCACAAAAAATAAGGCGTGCAACAATAAACACACTTACTC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7661_Genome_Tile_rc|1
AAGTTTGTTTAAACAGGATGTGGTATGTGTACAGTGGCATAGTGCCACAACCAAAAAGGC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7681_Genome_Tile_rc|1
ACACCCAGGTGCAACACATAAAGTTTGTTTAAACAGGATGTGGTATGTGTACAGTGGCAT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7701_Genome_Tile_rc|1
GTGTTAGCAACCTGTCAAACACACCCAGGTGCAACACATAAAGTTTGTTTAAACAGGATG
>HPV61_Alpha_9628574_nt7741_Genome_Tile_rc|1
ATGTCAAAAAAGATAGATGGAGCATTGTTCCAAACTGTGTGTGTTAGCAACCTGTCAAAC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7761_Genome_Tile_rc|1
AAGCACAGTAATTGCACAACATGTCAAAAAAGATAGATGGAGCATTGTTCCAAACTGTGT
>HPV61_Alpha_9628574_nt7841_Genome_Tile_rc|1
AGTTTCTCGGCTAGAAAAGTATACAAGCAATGCCAAACCAGCAATTAAGGGAAAGTAGTC
>HPV61_Alpha_9628574_nt7861_Genome_Tile_rc|1
CATGCCCAAAGTTGCAAGACAGTTTCTCGGCTAGAAAAGTATACAAGCAATGCCAAACCA
>HPV61_Alpha_9628574_nt7881_Genome_Tile_rc|1
GTAACATAATGTGTGTAAACATGCCCAAAGTTGCAAGACAGTTTCTCGGCTAGAAAAGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt0281_Genome_Tile_rc|1
CTAAAGTTCTTACTGATTCACCTTTTCCATAAAATCTAAACACTTTACACACGCTGCA
>HPV7_Alpha_9627389_nt0721_Genome_Tile_rc|1
GTACAATGGACTACTAGGCGAACTAAACAGTGACAAAATACACAATGTGTTACTATTTTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt0741_Genome_Tile_rc|1
CCTGCCTTATATCAGTAGCAGTACAATGGACTACTAGGCGAACTAAACAGTGACAAAATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt0981_Genome_Tile_rc|1
CTTACTACAGTATCATTAATAAAATCTACCATATCATATCCACTGTCTCTATAGCATCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TACTTAGTTCTTCATGTTCACTTACTACAGTATCATTAATAAAATCTACCATATCATATC
>HPV7_Alpha_9627389_nt1341_Genome_Tile_rc|1
AGCACTTCAACCGCTTCCGTTTCAACTGTGCGAGCCCTCCCACTGCCCCCTCTATACCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt1381_Genome_Tile_rc|1
ACGCGGACTAAGTTGCTGTATAACATCACTGCTTCTCTAGCACTTCAACCGCTTCCGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt1481_Genome_Tile_rc|1
GTCTAACCAAAATCGTGAAAGCCCACTCCAAAAAGTTCCCTTAAACTTACCACACAGTTTAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt1621_Genome_Tile_rc|1
CCATCTACACGTTGTCCACTGTGTATGTAAGTATAATGCCTGTCTTTTAATAATGTATG
>HPV7_Alpha_9627389_nt1761_Genome_Tile_rc|1
GCCGCTGCAGAACTTTGTAATTTAGGTGGTTGTACCATTAGTTGATTATCTGGTACATTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt2521_Genome_Tile_rc|1
ATGTTTAATGTTTATATTTGATGTTAACAATAATGGAGGACATTTAATCACAGCCAATGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt2541_Genome_Tile_rc|1
AAATATTGATATTTGCAATCATGTTTAATGTTTATATTTGATGTTAACAATAATGGAGGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt2561_Genome_Tile_rc|1
ACACTGTCACTCTACTCTGTAAATATTGATATTTGCAATCATGTTTAATGTTTATATTTG
>HPV7_Alpha_9627389_nt3341_Genome_Tile_rc|1

GTCGGTGGCCGCGGGATGTCTGATGTCAACAGGCGCAACAATGGGTAGCCCTTCGACAGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt3501_Genome_Tile_rc|1
TGTCCACGTATTTTCTTCCACTACATCCGTCCACTGCACTGATGGACAAGTCTCCGTCTC
>HPV7_Alpha_9627389_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TATTTACATTATAGTTAACATGCCTAACTATGTTTAATAGTTTTAGGTATTTTTACAAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TTTTTACAAATATACAAACATATTTACATTATAGTTAACATGCCTAACTATGTTTAATA
>HPV7_Alpha_9627389_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GTTGCGTTCCATACATATGTTTTTTACAAATATACAAACATATTTACATTATAGTTAACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt3881_Genome_Tile_rc|1
CATATGCATTACCCTTCACAGTTGCGTTCCATACATATGTTTTTTACAAATATACAAACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CAGGTATATGCATGCATATTAATAATTGCAGTTATAAGACAGAGTATATATACTATTAGTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AGAGCTCCAGACACAGAAATCAGGTATATGCATGCATATTAAATTTGCAGTTATAAGACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATAGAAATAGTGGCCATCAAAGAGCTCCAGACACAGAAATCAGGTATATGCATGCATATT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4061_Genome_Tile_rc|1
CCCACGTTATAAAGCAAAGAATAGAAATAGTGGCCATCAAAGAGCTCCAGACACAGAAAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AATAATAGATGTTAGTGCACCCACGTTATAAAGCAAAGAATAGAAATAGTGGCCATCAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AACACTAAAAAATACGTTAATAATAGATGTTAGTGCACCCACGTTATAAAGCAAAGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt4141_Genome_Tile_rc|1
TGACATATGAAGGAACAGTGCAGGCAAATACCACACTAACAACACTAAAAAATACGTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4161_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTATAGCATACACAATTGACATATGAAGGAACAGTGCAGGCAAATACCACACTAAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ATTTATTTAATACACAGTATTTTACTTACTATATTTGTATACATATAATGTCCTACAATG
>HPV7_Alpha_9627389_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CTGATGATGTTATTGAAAACCCACCCTCTGTGGGAATTACTGGCGAAGGAGCCCCAGACT
>HPV7_Alpha_9627389_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TTAGTAGAAGATATATCTAAATTTGCAGGGACATCTGTACCTGATGATGTTATTGAAAAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt4841_Genome_Tile_rc|1
TAGATGTAACATGTACTGTATTAGTAGAAGATATATCTAAATTTGCAGGGACATCTGTAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt4861_Genome_Tile_rc|1
TATGGGGTTATGGTGTGTGGTAGATGTAACATGTACTGTATTAGTAGAAGATATATCTAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5081_Genome_Tile_rc|1
CTACTATTTCTACTTGCTGCAAAGCTTTGCTATATAGCCCACTTTAGGCCGCGCTGACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GGTGGACATAAATGTTGGATCTACTATTTCTACTTGCTGCAAAGCTTTGCTATATAGCCC
>HPV7_Alpha_9627389_nt5201_Genome_Tile_rc|1
AGGCAGGATCTGGTGCCTTATGAATAGAAGGCTGTTCAAATGTAGTGTATCTTCAATGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TAAAGTAATGATATCCATAAAGGCAGGATCTGGTGCCTTATGAATAGAAGGCTGTTCAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5261_Genome_Tile_rc|1
AACGTACCACACCACGCCTAGAGGTCAAGGCAGGCCTATGTAAAGTAATGATATCCATAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TATCATCTATATCTGCATAAACATCAAAAAGGTCACCTGTTATTAGGTGAGGCCACTAGAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt5461_Genome_Tile_rc|1
ATATAATATATTTTCATCAATATCATCTATATCTGCATAAACATCAAAAAGGTCACCTGTT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GTATTATTGTCTATAGTAGAATATAATATATTTTCATCAATATCATCTATATCTGCATAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5501_Genome_Tile_rc|1
AGGAATAGGTAGAAGTTGGTGTATTATTGTCTATAGTAGAATATAATATATTTTCATCAA

>HPV7_Alpha_9627389_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TGTAGAATTACCTGGATACAAGGAATAGGTAGAAGTTGGTGTATTATTGTCTATAGTAGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5541_Genome_Tile_rc|1
ATAGATGTATTTGCTATGCGTGTAGAATTACCTGGATACAAGGAATAGGTAGAAGTTGGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5561_Genome_Tile_rc|1
CAGGAATTGTGGCAAGAGGTATAGATGTATTTGCTATGCGTGTAGAATTACCTGGATACA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5901_Genome_Tile_rc|1
TAGGCTTTTTTCAATTCAAAATATGGATGTCCTATGGTTAATAACCTGGTACTACCTGCAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt5921_Genome_Tile_rc|1
AGGCACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTTCAATTCAAAATATGGATGTCCTATGGTTAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt5941_Genome_Tile_rc|1
TATTGATGTCCAGACACTTTAGGCACCGATACATCGCCATTAGGCTTTTTTCAATTCAAAA
>HPV7_Alpha_9627389_nt6161_Genome_Tile_rc|1
GCTGTCTTGACCAGGTACTGTTCCATATACAGACGAGTTTCCACATCTTCATCTTTATT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6961_Genome_Tile_rc|1
GGAGGACCAATTTTAAAATTCCAATCATCTAATAAGGAAGAATCCATAGCATGTATATAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt6981_Genome_Tile_rc|1
CTTCCAAGGTTGCAGACGCTGGAGGACCAATTTTAAAATTCCAATCATCTAATAAGGAAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt7021_Genome_Tile_rc|1
TGACATGCTATGGCTTTTATTGGTAAGAAACCTATAAGTATCTTCCAAGGTTGCAGACGCT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7361_Genome_Tile_rc|1
AAACAACATATACAAACACACATACATAAACAACACATACATACATTCCAGAGTAACAAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt7421_Genome_Tile_rc|1
TTATTAAACAAACACAACAACAATACATTACATTACATACACACAAATACATTCTCACACAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7461_Genome_Tile_rc|1
ACAAAGAAAAGTACTTTACCACACAACACACAATATATTTATTATTAAACAAACACAACAAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt7481_Genome_Tile_rc|1
TTTAATAAGTAACTTTTAAAACAAAGAAAGTACTTTACCACACAACACACAATATATTTA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7601_Genome_Tile_rc|1
AGTTATATAAAGCTAACAATTTTAAACATGTTATAAAAACATGCTGACAAATGTAATGAG
>HPV7_Alpha_9627389_nt7621_Genome_Tile_rc|1
GGAAATTGAAGGATTTATATAGTTATATAAAGCTAACAATTTTAAACATGTTATAAAAAAC
>HPV7_Alpha_9627389_nt7641_Genome_Tile_rc|1
GACTGGAAACGGTTATGGGTGGAAATTGAAGGATTTATATAGTTATATAAAGCTAACAAT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7681_Genome_Tile_rc|1
AATGCAAATATGCTGACAAACATGGTGACTTGCCAACCGAGACTGGAAACGGTTATGGGT
>HPV7_Alpha_9627389_nt7761_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGGCAACCTCACCTAATAGTACATATTGGGCGGCATTTTTTGGCAGGGAACCTTGA
>HPV7_Alpha_9627389_nt7801_Genome_Tile_rc|1
AAAATAAGATGAGTAACAGTGCAATAAAAGTGTAATTAAAGGTGTGGCAACCTCACCTA
>HPV10_Alpha_9627257_nt3901_Genome_Tile_rc|1
AGAATGTACAATCACCTATAGATCTATATATGTATAGAAATATCTGACATATTAGAATA
>HPV10_Alpha_9627257_nt3921_Genome_Tile_rc|1
GTCGACACAAGTAAAAATCCAGAATGTACAATCACCTATAGATCTATATATGTATAGAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt4221_Genome_Tile_rc|1
CCAAGATGTCTATATAACACAAACAGTGCTATTATAACAAAAATGATTACACACAGTAGT
>HPV10_Alpha_9627257_nt4241_Genome_Tile_rc|1
ACATATTATGTTACAATAACCAAGATGTCTATATAACACAAACAGTGCTATTATAACAA
>HPV10_Alpha_9627257_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TGGGATCCGTACAGGCTACCACATATTATGTTACAATACACCAAGATGTCTATATAACAC
>HPV10_Alpha_9627257_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ATGATATACAACCCCTATGTGGGATCCGTACAGGCTACCACATATTATGTTACAATACA
>HPV10_Alpha_9627257_nt4301_Genome_Tile_rc|1
GGTACACACAACAACAACATATGATATACAACCCCTATGTGGGATCCGTACAGGCTACC
>HPV10_Alpha_9627257_nt4321_Genome_Tile_rc|1

GTGCCACAATAGCACACTAGGGTACACACAACAACATATGATATACAACCCCCTATG
>HPV10_Alpha_9627257_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ACAAAAATAGAAAAAGAATGGTGCCACAATAGCACACTAGGGTACACACAACAACAT
>HPV10_Alpha_9627257_nt4361_Genome_Tile_rc|1
ATTTAACTGTAAAAAACAACAATAGAAAAAGAATGGTGCCACAATAGCACACTAG
>HPV10_Alpha_9627257_nt5501_Genome_Tile_rc|1
ATATCCCCTGGACTGTGTGGTACTACGATATCCCTCTGTAAAAGCAACATCACCATCATC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6621_Genome_Tile_rc|1
ACCAACGTCTCGCCCCCACC GTTGTCTTTAATATGAAAGTGTCTGGGATGGCGTCTCC
>HPV10_Alpha_9627257_nt6821_Genome_Tile_rc|1
GTGGCAGGGGAGGCCTCAGAAGGAACACACAAGCACATATTGGTACTGCGAGTCGTGTCT
>HPV5_Beta_9627145_nt0001_Genome_Tile_rc|1
CCATTATAATTGTGAAATCCCAATACCGCACCTGGTACAAGGAAATTGCAACTTACCGTT
>HPV5_Beta_9627145_nt0121_Genome_Tile_rc|1
CCAATCTTAGACACTTATATATATATATATTTATTTATGTATACATATATTGGATATTAT
>HPV5_Beta_9627145_nt0141_Genome_Tile_rc|1
TTGCCTGATTACAGAAGAACCCAATCTTAGACACTTATATATATATATTTATTTATGT
>HPV5_Beta_9627145_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GTGTTCCGGCTCCCTCAGCCATTGCCTGATTACAGAAGAACCCAATCTTAGACACTTATAT
>HPV5_Beta_9627145_nt0181_Genome_Tile_rc|1
TTTTCTGTCAGTTTCTGTTGGTGTTCGGCTCCCTCAGCCATTGCCTGATTACAGAAGAAC
>HPV5_Beta_9627145_nt0201_Genome_Tile_rc|1
AAGGTAATTCTGCCTTATCTTTTTCTGTCAGTTTCTGTTGGTGTTCGGCTCCCTCAGCCA
>HPV5_Beta_9627145_nt0221_Genome_Tile_rc|1
AGCTAAGTCTCTAATACTTAAAGGTAATTCTGCCTTATCTTTTTCTGTCAGTTTCTGTTG
>HPV5_Beta_9627145_nt0241_Genome_Tile_rc|1
ACAGGGATGCCTAAGGCTTCAGCTAAGTCTCTAATACTTAAAGGTAATTCTGCCTTATCT
>HPV5_Beta_9627145_nt0261_Genome_Tile_rc|1
AAGGTATTAAACAATCAATCACAGGGATGCCTAAGGCTTCAGCTAAGTCTCTAATACTTA
>HPV5_Beta_9627145_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AAAGTTGCCACAGAAATTGCAAGGTATTAAACAATCAATCACAGGGATGCCTAAGGCTTC
>HPV5_Beta_9627145_nt0341_Genome_Tile_rc|1
ATCTTTCCAAATTAGACTAAGCCTTTTG TAGTCAATTACACAAGCTTCCAAATAATTTAG
>HPV5_Beta_9627145_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TGGCGCCACAGCATACGCGACAGCAGCAAACACACAATAATCTTTCCAAATTAGACTAA
>HPV5_Beta_9627145_nt0421_Genome_Tile_rc|1
ACTGTCTGCTCATAAAATTGGTTAAATTCATAAGTTGCAGTGGCGCCACAGCATACGCGA
>HPV5_Beta_9627145_nt2041_Genome_Tile_rc|1
AGATATACTCATGTCTCTCATTTGTCCCTTCTTATAAAATCGTACCATATATGCACATTC
>HPV5_Beta_9627145_nt2061_Genome_Tile_rc|1
ATTTTAGTGTATATCCATTAGATATACTCATGTCTCTCATTTGTCCCTTCTTATAAAAT
>HPV5_Beta_9627145_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CTTCCCTTCTACTTCATTGATTTTAGTGTATATCCATTAGATATACTCATGTCTCTCA
>HPV5_Beta_9627145_nt2161_Genome_Tile_rc|1
GAATTCTTTAATGCAGTTAGGAATACAATAAAGTTTATATTTTGGTATCTAATAAACTT
>HPV5_Beta_9627145_nt2961_Genome_Tile_rc|1
CTATGCTGGTATCAACTAGAGTCCATGGCTCATGAGCAAAATCAGATGTCTGTAGTGACT
>HPV5_Beta_9627145_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TCGTGACCTCTCGACCCTCGGGCCCTCTGGTTGTTGAACTTTCGGCTCGTGCCCGCTG
>HPV5_Beta_9627145_nt4021_Genome_Tile_rc|1
TTAATTTTAGCTCTGTTGCGGACATTTTTCAGTGTGTTAGCCGCCCTTTGACAATGATT
>HPV5_Beta_9627145_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CTTATCAACTCCTTTGGGGTATCGCACCGCTTCATCAAAATCTCTCCTTTGAGTATAGGA
>HPV5_Beta_9627145_nt4661_Genome_Tile_rc|1
CTGTGGACTCAGTTAGAGGGACCACGGATGATGCTGTAGGTTCCACGGGGTTAACTGTAT

>HPV5_Beta_9627145_nt4921_Genome_Tile_rc|1
ACCCGATGTCACCAAAACGTGATCTGCAAGAGACGATTCCCCTTGTGCTGGAGTAGACTC
>HPV5_Beta_9627145_nt5001_Genome_Tile_rc|1
ATTTCAAATGTATACCTACTAGGAATTTCTCTAACTCAATTATGTCAGTTATATCACCC
>HPV5_Beta_9627145_nt5101_Genome_Tile_rc|1
TACTAAACGTCTATTAGTCAAAGAGAAACCCCTCCTACGGCCTACAGATTGATTGCGTGG
>HPV5_Beta_9627145_nt5161_Genome_Tile_rc|1
AAAACGAACTAACTTAGATGGTTGAGTTAGAAACAATGGATTGTCCACTTGTACCTGCTG
>HPV5_Beta_9627145_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GGCCTAATAATTGTAATTC AATAGGATCTTCAGTATTAATAGAGCTAAGATCTCTGTAAA
>HPV5_Beta_9627145_nt5561_Genome_Tile_rc|1
CTAATAATAAATCATGTGAATATGCTTCAATGCTTTCAGATAATGGATTTTCAGAAATAT
>HPV5_Beta_9627145_nt5581_Genome_Tile_rc|1
GAAATCTTCCACCGTTTCATCTAATAATAAATCATGTGAATATGCTTCAATGCTTTCAGA
>HPV5_Beta_9627145_nt5601_Genome_Tile_rc|1
ATAACCAGCTGAGACCCACTGAAATCTTCCACCGTTTCATCTAATAATAAATCATGTGAA
>HPV5_Beta_9627145_nt5621_Genome_Tile_rc|1
TTGTGCTCCTTCGATTACCTATAACCAGCTGAGACCCACTGAAATCTTCCACCGTTTCAT
>HPV5_Beta_9627145_nt6281_Genome_Tile_rc|1
CTTTAGAAAATGTTATGTATGCATTACTGTTTTCTGTATCTTTTACTTTATTGAAATAAG
>HPV5_Beta_9627145_nt6521_Genome_Tile_rc|1
AACTGACATCTGATCTACTATCTTGAAGTGCCTTAAAATTCATGTTCCCAAACCTATGT
>HPV5_Beta_9627145_nt6961_Genome_Tile_rc|1
AACATCTTTTGTAGTGCTCCAGCCTGATTATATACAGAAATACTGAAATTAGTATTTCTTGT
>HPV5_Beta_9627145_nt7001_Genome_Tile_rc|1
GTCTTTGATATTCTCTAAATTGATCTGCATTATAGTCTGCAACATCTTTTGTAGTGCTCCAG
>HPV5_Beta_9627145_nt7081_Genome_Tile_rc|1
ATTGATCTGTGCCAATACCTGTGCCTTTAAAGGAACCTTACAGAGTTGTAGAATTAAAGA
>HPV5_Beta_9627145_nt7221_Genome_Tile_rc|1
TCTTCCTTTTCTTTCGGAGGATTCTTATCTGGACACCGTGTAGCCAAAGAGTCAATATAT
>HPV5_Beta_9627145_nt7441_Genome_Tile_rc|1
AGTTTATAAAAATGTACCACCTTTCGGTCAGACCTCAATTTTTTACGTTTGCGTTTTGTTCC
>HPV5_Beta_9627145_nt7581_Genome_Tile_rc|1
CTGAGTCCAAGACGGTGTGTTTGGCACTGATCTGATTCTATATTGGCAACAACCTTGACTG
>HPV5_Beta_9627145_nt7601_Genome_Tile_rc|1
TATAACGAACACGGTCTGTTCTGAGTCCAAGACGGTGTGTTTGGCACTGATCTGATTCTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TCCTCTAAATACTAACTAAGTTTCTTAAAGATAGAATAAAGCAAGATCCGCAAGATCGAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt0221_Genome_Tile_rc|1
CAACATGCATAATAACAATTTCTCTAAATACTAACTAAGTTTCTTAAAGATAGAATAAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TTAATCTTAAAGCATTCAGAACACATGCATAATAACAATTTCTCTAAATACTAACTAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0361_Genome_Tile_rc|1
GTAATCTAAGGCAGCAAATGCATCTAATGCAAATTTCTTAAATCTTTTCTGAGCAATTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TAATTTCTCAACAATATCAAGTAATCTAAGGCAGCAAATGCATCTAATGCAAATTTCTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TCGTCAGAGTATAATAAATCTAATTTCTCAACAATATCAAGTAATCTAAGGCAGCAAATG
>HPV4_Gamma_9626597_nt0681_Genome_Tile_rc|1
TCCGTAGTCCGAGCTCAGCAGCATACAATGTAATTCCTTACAGCAACTTCACATCTATAGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CAAAACGTCAGCTTTCTTCTACAAGAAGTTGTTCCAAGGTCCGTAGTCCGAGCTCAGCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt0901_Genome_Tile_rc|1
CATCAATTAAGTTAGAAATGTTTGAATCGTCATTACTTTTCGTGCGATAAATCATCCAACG
>HPV4_Gamma_9626597_nt1381_Genome_Tile_rc|1

GCTTTAAACAATCTTTGAACTTTCTAATACTTCAACAGCAGCTCTAAAAATAACTATTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt1521_Genome_Tile_rc|1
ACATAACATTTGATATTCTTGGATATTTAATATAGAACACATCAACTTTTGTACAGTTTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt2761_Genome_Tile_rc|1
AGATGCAAAGGGAGATTTTAACAATGATTGCAAAGTTAAATGTATCTGAATAGCTTGCTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt2781_Genome_Tile_rc|1
TCTGTCAATGTCCACCGTTCAGATGCAAAGGGAGATTTTAACAATGATTGCAAAGTTAAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt2801_Genome_Tile_rc|1
TTATCAGTTCTGCACTAACATCTGTCAATGTCCACCGTTCAGATGCAAAGGGAGATTTTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3621_Genome_Tile_rc|1
GTGCTATCAAAATGCAATAAGCATGCGACTATGATTATGTGAGCAATCTCCAACCCAGTTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CAAAGCGTCTCTTTGGTCAGTGCTATCAAATGCAATAAGCATGCGACTATGATTATGTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt3661_Genome_Tile_rc|1
AGGAAAAAGGTTGTGTTTTACAAAAGCGTCTCTTTGGTCAGTGCTATCAAATGCAATAAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TAGGTATATGTACACAGTTTAGGAAAAAGGTTGTGTTTTACAAAAGCGTCTCTTTGGTCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3701_Genome_Tile_rc|1
ATAAACTATTCAATGAGCCGTAGGTATATGTACACAGTTTAGGAAAAAGGTTGTGTTTTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt3721_Genome_Tile_rc|1
CTACTCAAGCTTTGCATTTTATAAACTATTCAATGAGCCGTAGGTATATGTACACAGTTT
>HPV4_Gamma_9626597_nt3741_Genome_Tile_rc|1
GAACTGAATCTCTTTTCCTTCTACTCAAGCTTTGCATTTTATAAACTATTCAATGAGCCG
>HPV4_Gamma_9626597_nt4001_Genome_Tile_rc|1
TATTTCTGAGGGTCCCAAACCTTTCCACAGGCACTGTAGGCCTTACTAAAGTACCACTAGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt4021_Genome_Tile_rc|1
TCTATTGCATCTATTGGGATTATTTCTGAGGGTCCCAAACCTTTCCACAGGCACTGTAGGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4041_Genome_Tile_rc|1
CAACAGAAGATGTTGTTGGGTCTATTGCATCTATTGGGATTATTTCTGAGGGTCCCAAAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GGTCAGATCCTCTAATGGCACAACAGAAGATGTTGTTGGGTCTATTGCATCTATTGGGAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TTCTCTTGTATCTCCACTATCTACTGTGACATCTGGGATGGTCAGATCCTCTAATGGCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4121_Genome_Tile_rc|1
CTGAAGAGTAGTCTCCCTATTCTCTTGTATCTCCACTATCTACTGTGACATCTGGGAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GAAATATCTACTTGTGCAGGCTGAAGAGTAGTCTCCCTATTCTCTTGTATCTCCACTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4161_Genome_Tile_rc|1
ATATAGGGTCATGTGATGTTGAAATATCTACTTGTGCAGGCTGAAGAGTAGTCTCCCTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4181_Genome_Tile_rc|1
GCTAGCACCAAGTGACATCTGATATAGGGTCATGTGATGTTGAAATATCTACTTGTGCAGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt4281_Genome_Tile_rc|1
CCCTAGTTGCCAATGCTATCCGTTTTGTGGGAGGTTCTATAGGGGACACATCTAACACTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt4301_Genome_Tile_rc|1
ATGTGGAGTTGCTGAGGCTCCCTAGTTGCCAATGCTATCCGTTTTGTGGGAGGTTCTAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt4321_Genome_Tile_rc|1
GTGCCAGATATGACACTTACATGTGGAGTTGCTGAGGCTCCCTAGTTGCCAATGCTATC
>HPV4_Gamma_9626597_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TCGAATTCTTGAAAGGGGTTCAACGGTTCTAATGGAATTTCTTCTGTATAACCAATGGAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt4521_Genome_Tile_rc|1
TATTATATAAATCCCGTGCTCTTCCTATTGCACGATTTAAACGTCACGTGGTGTACTAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5041_Genome_Tile_rc|1
AATGATGTCCCACGTCTGCTACTAGTAAGCACCAAGTGTGACTGACTAAAAATCTTCTGTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5061_Genome_Tile_rc|1
GTGGTATTGTAGGTATAGTAAATGATGTCCCACGTCTGCTACTAGTAAGCACCAAGTGTG

>HPV4_Gamma_9626597_nt5081_Genome_Tile_rc|1
AATTCTAAGACCTAATCCAGGTGGTATTGTAGGTATAGTAAATGATGTCCCACGTCTGCT
>HPV4_Gamma_9626597_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GAACCTACATCATCTACATAAATTCTAAGACCTAATCCAGGTGGTATTGTAGGTATAGTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt5181_Genome_Tile_rc|1
GTTCTAGAGGAACAAATGGCTCAGTTGGTAAACCTCCAGCAGGTATTACTCTAGATTCTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TATATCAGATAACAAAGCTGGTTCTAGAGGAACAAATGGCTCAGTTGGTAAACCTCCAGC
>HPV4_Gamma_9626597_nt5241_Genome_Tile_rc|1
TGCGATATAAACTAGGACGATATACAAAATCCGTACTAAATATATCAGATAACAAAGCTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt5601_Genome_Tile_rc|1
CCCTCAGTTTCCATACTAGGCGTTCATGATCAGAATCATAAAAGCCATTATCAATTAAAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6161_Genome_Tile_rc|1
CTGATCTTGTGTTGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAGGTAGCTTCAAAAGGTTCTGG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6181_Genome_Tile_rc|1
ATATGAGGTCCATAAGTGTACTGATCTTGTGTTTTGAGCACCAATAAAATAATCTGAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6201_Genome_Tile_rc|1
CACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCATAAGTGTACTGATCTTGTGTTTTGAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6221_Genome_Tile_rc|1
TTCCTGGATACTAAAGAGCCACTAGGGGTCCCTACATAAATATGAGGTCCATAAGTGTA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6361_Genome_Tile_rc|1
CCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTTGTATTATGAGTGTTATCTACAAGAGTAACA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6381_Genome_Tile_rc|1
ACTGATAATTGTCTATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAATTGTAAAGTTTGTATTATGAG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6401_Genome_Tile_rc|1
TTTAAATCACTAGCTTTTATACTGATAATTGTCTATTAGCACCATCTGACTTCACAGAAAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt6421_Genome_Tile_rc|1
TCTATATGTCTGAGGTACTGTTTAAATCACTAGCTTTTATACTGATAATTGTCTATTAGCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6641_Genome_Tile_rc|1
ATATGGATCTTCTTTTTTCTAGTTGCAGGGGTCTGTGTAGGGCATCTTGTAGCTCTAGATTG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6781_Genome_Tile_rc|1
GAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAAATTAAACCACTTTGATATAAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6801_Genome_Tile_rc|1
TGGTATTAGTTTGTGCATGAGAAGAACTTATTATTCTTTTACGTTTTAGAGAACCATTAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6881_Genome_Tile_rc|1
AAGGTTTTTCTTGGCAGAATAAAACATTCCAGAAGAGTTCACATTGTTATTTTCAAGAGACCG
>HPV4_Gamma_9626597_nt6901_Genome_Tile_rc|1
ATAATAATTTGGCTCAGTTGAAGGTTTTCTTGGCAGAATAAAACATTCCAGAAGAGTTCA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6921_Genome_Tile_rc|1
TTGAGATTAAAGAAGATTATATAATAATTTGGCTCAGTTGAAGGTTTTCTTGGCAGAATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt6981_Genome_Tile_rc|1
ACTATAGTTCACAAAACAGATACATACACGTTTGCAAATCTTATATAATTAGCTCAATT
>HPV4_Gamma_9626597_nt7001_Genome_Tile_rc|1
AGTATGTGGCAGTTTATTTCACTATAGTTCACAAAACAGATACATACACGTTTGCAAAT
>HPV4_Gamma_9626597_nt7081_Genome_Tile_rc|1
CTACTGATCTGTGTATGCAAATAATTATTGGGGTGCGGACGCATGTTGACCAAATGACTC
>HPV4_Gamma_9626597_nt7101_Genome_Tile_rc|1
TGTCCGTCTTGGCGCCTCTCCTACTGATCTGTGTATGCAAATAATTATTGGGGTGCGGAC
>HPV4_Gamma_9626597_nt7121_Genome_Tile_rc|1
AAGGAAATTTGAAGAGGATATGTCCGTCTTGGCGCCTCTCCTACTGATCTGTGTATGCAA
>HPV4_Gamma_9626597_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CGGTCTTTTGTAGCTTACAGTTGTTAAATTTCAATAATTTTAAGGAAATTTGAAGAGGATA
>HPV4_Gamma_9626597_nt7201_Genome_Tile_rc|1
CTTTCACTCACCTTTTTTCCCAAGGTTAGAGGAAACGATAACGGTCTTTTGTAGCTTACAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt0061_Genome_Tile_rc|1

CCTCAAAGCGCGCCATAGTATTGTGGTGTGTTTCTCACATCTTTTATATACACCGTTTTTC
>HPV18_Alpha_9626069_nt0141_Genome_Tile_rc|1
ACAGGTTATTTCTATGTCTTGCAGTGAAGTGTTTCAGTTCCGTGCACAGATCAGGTAGCTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt0161_Genome_Tile_rc|1
AATACTGTCTTGCAATATACACAGGTTATTTCTATGTCTTGCAGTGAAGTGTTTCAGTTCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TCGTTGGAGTCGTTCCGTGTCGTGCTCGGTTGCAGCACGAATGGCACTGGCCTCTATAGTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt1361_Genome_Tile_rc|1
GTCTATAGCCTCCGTACTGCCGCCACTACATACATTGCCGCCATGTTGCCCATTTGTAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TACCGTCTACACTGCTGTTGTTGCCCTCTGTGCCCCGTTGTCTATAGCCTCCGTACTGC
>HPV18_Alpha_9626069_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CATTGTGGATTTACATTTTCTATATTGCTATTGTCACTTGTACCGTCTACACTGCTGTTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt1481_Genome_Tile_rc|1
ATTGTTTACTTTTAAACAAGTCTTTTAATTGTGCTATGGTACATTGTGGATTTACATTTTC
>HPV18_Alpha_9626069_nt1501_Genome_Tile_rc|1
GCTAACATAGCTCCTTGTTTATTGTTTACTTTTAAACAAGTCTTTTAATTGTGCTATGGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt1521_Genome_Tile_rc|1
CATATGTGTCTTTAAATACTGCTAACATAGCTCCTTGTTTATTGTTTACTTTTAAACAAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt2241_Genome_Tile_rc|1
ATGTTATAAACTCTATTTGTTGGTATCGCAGGAATTGCACTATTGGTCTCCAATCTCCCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt2261_Genome_Tile_rc|1
TGATTTTAAAGGCTCCTAAAAATGTTATAAACTCTATTTGTTGGTATCGCAGGAATTGCAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt3281_Genome_Tile_rc|1
TCTATATAAAACGTGTTGTACCCTTCCTTTACATAATACAATCCCCTGTGACTTACACAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt3301_Genome_Tile_rc|1
TTTCACATTCACTTTTAAATTCTATATAAAACGTGTTGTACCCTTCCTTTACATAATACA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CCCACGGACACGGTGCTGGAATACGGTGAGGGGGTGCTGTAGCTGTTAACAAGCTGA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3561_Genome_Tile_rc|1
ACCGAGAAGTGGGTTGACAGGTCCACAATGCTGCTTCTCCGCGAGTCCACAGTGTCCAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt3581_Genome_Tile_rc|1
TTGCCTGTAGGTGTAGCTGCACCGAGAAGTGGGTTGACAGGTCCACAATGCTGCTTCTCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt3601_Genome_Tile_rc|1
AGAGTTTCCGTCTTTTGTGTTGCCTGTAGGTGTAGCTGCACCGAGAAGTGGGTTGACAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TCTCTATAGTGGTCGCTATGTTTTCGCAATCTGTACCGTAAACATTTTAAACTGTTTCTG
>HPV18_Alpha_9626069_nt3721_Genome_Tile_rc|1
AATGCCAGGTGGATGATATATCTCTATAGTGGTCGCTATGTTTTCGCAATCTGTACCGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3761_Genome_Tile_rc|1
ACAGTCAGTATTCCTGTTTTTTTCATTGCCTGCACCTGTCCAATGCCAGGTGGATGATATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt3901_Genome_Tile_rc|1
AAAATAAAAAAATAAGTGATAACATATTGGTACTACAGCATATGTATTACATTGTCATGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4041_Genome_Tile_rc|1
AAATACATATACTGTGAATGCTGTGGCAGGGGACGTTATTACCACAATATACACAAATAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CAATTACTGTAAAGACAATATAGCATGTATATGCAATAGTAACATGGGCAATAAAAAACA
>HPV18_Alpha_9626069_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ACTGTATAAAACAACCTATACAATTACTGTAAAGACAATATAGCATGTATATGCAATAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt4141_Genome_Tile_rc|1
AAATATACAATGTACAATACACTGTATAAAACAACCTATACAATTACTGTAAAGACAATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AGCATAAAAAGGTATAAAACAAAATATACAATGTACAATACACTGTATAAAACAACCTATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt4181_Genome_Tile_rc|1
TTTATTACAAAAATACAAAAAGCATAAAAGGTATAAAACAAAATATACAATGTACAATAC

>HPV18_Alpha_9626069_nt4541_Genome_Tile_rc|1
CCTAGGTGCACCTGATGTAACCACTGGAGTCCTCTATTAATGTAACAATAGATGGGTC
>HPV18_Alpha_9626069_nt4621_Genome_Tile_rc|1
GAAGGTGTGATATCCAAAACCGCAGGTGTAGTTGTACCCGCAGATGTTATATCAAACCCA
>HPV18_Alpha_9626069_nt4641_Genome_Tile_rc|1
AAATAGACACAGAGGTAGACGAAGGTGTGATATCCAAAACCGCAGGTGTAGTTGTACCCG
>HPV18_Alpha_9626069_nt4661_Genome_Tile_rc|1
ATTGGTAAAAATTGGTTGTGGAAATAGACACAGAGGTAGACGAAGGTGTGATATCCAAAAC
>HPV18_Alpha_9626069_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TAAAAAATGCAAAGGAGGTAGTAGAACGCGATGGTACAGGCACTGCAGGGTCCATGTCAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5321_Genome_Tile_rc|1
AGATATAGTGGGCGAATATTTAAAAAATGCAAAGGAGGTAGTAGAACGCGATGGTACAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5341_Genome_Tile_rc|1
TTACTATAGGAAGAGGCAGAAGATATAGTGGGCGAATATTTAAAAAATGCAAAGGAGGTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AGGTAAAGGGACCGTTACATTACTATAGGAAGAGGCAGAAGATATAGTGGGCGAATATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt5421_Genome_Tile_rc|1
CAGAGGTAGTAGATGGTAATGTAATATCAGGACCCGTGTATACAGGCACATCCCAAGAGG
>HPV18_Alpha_9626069_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TACCATGTATACCAATATACTGTGTAGAGGCAGGGGCCGTGGGTGATACAATGGGCCATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt5981_Genome_Tile_rc|1
ACGTCCTCAGAAACATTAGACGTGGCGGCATGGGAACCTTTCAGTGTCTATCTAATTTATTA
>HPV18_Alpha_9626069_nt6001_Genome_Tile_rc|1
CTACAGACACATTGTCCCTAACGTCCTCAGAAACATTAGACGTGGCGGCATGGGAACCTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6441_Genome_Tile_rc|1
ACTTGGAGAGGGAGAATACACACAGCTGCCAGGTGAAGCAGGCATACCTGTGCCTTTAAT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6621_Genome_Tile_rc|1
ATATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAAGCACATATTGTTAAATTGGTACTGGGAGT
>HPV18_Alpha_9626069_nt6641_Genome_Tile_rc|1
TGCTTAAATTTGGTAGCATCATATTGCCCAGGTACAGGAGACTGTGTAGAAGCACATATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7081_Genome_Tile_rc|1
CATATTACTTCCTGGCACGTACACGCACACGCTTGGCAGGTTTAGAAGACGTAGTGGCAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CCATACAATGCAATCATACAACAACAACAACACAGGACATACAACAACAACAATAGATG
>HPV18_Alpha_9626069_nt7201_Genome_Tile_rc|1
AAATATAGTAACATACAACATACAACAACAACCATACATACCATACAATGCAATCATACA
>HPV18_Alpha_9626069_nt7221_Genome_Tile_rc|1
ATTTAATGCCACATACCAACAAATATAGTAACATACAACATACAACAACAACCATACATA
>HPV18_Alpha_9626069_nt7281_Genome_Tile_rc|1
ATACAGTTGTTACTCACTAGGGCGCAACCACATAACACACAGAACCACAAAACATATTTT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ATATATAGCCCAACAAGCAACCCCATACCACAAACACAAATACAGTTGTTACTCACTAG
>HPV18_Alpha_9626069_nt7341_Genome_Tile_rc|1
ATAACTTGAAATACAGGACAATATATAGCCCAACAAGCAACCCCATACCACAAACACAA
>HPV18_Alpha_9626069_nt7541_Genome_Tile_rc|1
TGCGCCTTATATGCGCCAAAGAGGCGCGCAATTGTTCAAAATATGTAGGAGCAGTGCCC
>HPV18_Alpha_9626069_nt7721_Genome_Tile_rc|1
ATGTTAAGGGTAGACAGAATGTTGGACATGAAAGTAGTTGTACAAGCCAAGTATGCAATT
>HPV18_Alpha_9626069_nt7741_Genome_Tile_rc|1
GCTTAGTCATATTATAGTTTCATGTTAAGGGTAGACAGAATGTTGGACATGAAAGTAGTTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0001_Genome_Tile_rc|1
ATCAGATAAATGAGTAATATAGCAACCGGCAGCGGTTCAAACAAATAAAAACTTACCGTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0041_Genome_Tile_rc|1
TCACATGTATTTAATTAAGGAATGGTTGTTGTAAACCACAATCAGATAAATGAGTAATAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0121_Genome_Tile_rc|1

CTGTTCTAGGCCTCTCCATCAGTATATGTGTCTCTAATATTCTTCAAGTAATTTTATAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0141_Genome_Tile_rc|1
ATGCCGACTCAGAACTTGTACTGTTCTAGGCCTCTCCATCAGTATATGTGTCTCTAATAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TCTTCTATTGGTATTTCTAAATGCCGACTCAGAACTTGTACTGTTCTAGGCCTCTCCATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0181_Genome_Tile_rc|1
ACTTGCATGGTACCAATAAATCTTCTATTGGTATTTCTAAATGCCGACTCAGAACTTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TGTTAAAAAGCGCTCACAAAACCTTGCATGGTACCAATAAATCTTCTATTGGTATTTCTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0221_Genome_Tile_rc|1
AATTGCAAAAAGTTCTATATATGTTAAAAAGCGCTCACAAAACCTTGCATGGTACCAATAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TAAATCTTCAATCCAAATGAGTTGCAATTGTTTGTAAATCAAATTGCAAAAAGTTCTATATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0301_Genome_Tile_rc|1
CAGCAGATGCATATGCACAACCTAGAGCAAAGAGCATACTAAATCTTCAATCCAAATGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0321_Genome_Tile_rc|1
ATAATTTTTGTATTCAAATGCAGCAGATGCATATGCACAACCTAGAGCAAAGAGCATAAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0361_Genome_Tile_rc|1
TCACCTGCTCTATTTCTCTGCCTTTGACTGTGCCTTCTAAATAATTTTGTATTCAAATG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0381_Genome_Tile_rc|1
AAAGCCTACAGACTGTTGAGTCACCTGCTCTATTTCTCTGCCTTTGACTGTGCCTTCTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TAAATGCATCTGATAGTAATAAAGCCTACAGACTGTTGAGTCACCTGCTCTATTTCTCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0421_Genome_Tile_rc|1
GGTCTAGATGCTTTAAACAATAAATGCATCTGATAGTAATAAAGCCTACAGACTGTTGAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0441_Genome_Tile_rc|1
ATTGTCTAACTTTTCTAAAGGTCTAGATGCTTTAAACAATAAATGCATCTGATAGTAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0761_Genome_Tile_rc|1
TAAAGTTCTTGCTGTGTGCGGATTCCAAAGAAGGTAGCAATCACAAATAGTCGAAGGCG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt0841_Genome_Tile_rc|1
CATCAATACCTTTATGGTCCTTGTCCGCCATTGCGAATGACCTCTCGGCACTGAGGACAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1121_Genome_Tile_rc|1
AGGGAGATTGACTCCAGCTGCGGACTGAGCTGCAGGATCTCTTCTCTTTAGGACTGAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1341_Genome_Tile_rc|1
ATCCTTAAATTTACTTAACAATGTTGCTTTTGCATTGCTGCACTTTAACAGCGCTTTATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TTAAAACTCACTCCAAACGCATCCTTAAATTTACTTAACAATGTTGCTTTTGCATTGCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1381_Genome_Tile_rc|1
GATAGTGCTTGTGAGCTCATTA AAACTCACTCCAAACGCATCCTTAAATTTACTTAACA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1421_Genome_Tile_rc|1
ATACTAACAACCCGATCCCTACAACATGTCTTATTACTTTGATAGTGCTTGTGAGCTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1481_Genome_Tile_rc|1
GAACAATGCTTTTGTAAATAAATGCTTAGACCTTCTAACAGATCATCTTCACTGCATAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1521_Genome_Tile_rc|1
AAATAATGACATTGGTTGTAAACATGCATCCAAATATATGAACAATGCTTTTGTAAATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1621_Genome_Tile_rc|1
TAGGTGGTTCAGACAATGTTTGAATTTCACTTACTTGCAAAATAGAAGATAGTAATCTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1741_Genome_Tile_rc|1
AAGATTGATGGCTAATCATAGTTTGTGTCACTATCCAATCAGGATATGTTCCAAAAGTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1761_Genome_Tile_rc|1
AGAAAATTGCGTGGCCTCCAAAGATTGATGGCTAATCATAGTTTGTGTCACTATCCAATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt1781_Genome_Tile_rc|1
CACTGTATCATGTGAGATAAAGAAAATTGCGTGGCCTCCAAAGATTGATGGCTAATCATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2121_Genome_Tile_rc|1
ATGAAATAAAATGCAATTCCTTTTAGGTGTATTCTGCAAAAATGTCTAAACTTATCTAA

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TTCCCTGAATCAGGAGGCCCATGAAATAAAATGCAATTCCTTTTAGGTGTATTCTGCAAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2301_Genome_Tile_rc|1
TAAGAATGTATCAAAATAATTCCAACACTCATATGTAGCATCGTCTAGCAGTGCTATTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2341_Genome_Tile_rc|1
TTATATCTAGACTGACTGGGTTTCCATCAATGCCATTTCTTAAGAATGTATCAAAATAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2421_Genome_Tile_rc|1
ATATCTATCTTCTTTATTAATATCTATATTAGATGTTATCATTAAGGTGGAAATTGTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2441_Genome_Tile_rc|1
ATTCTACTTTTGCAAATACCTATATCTATCTTCTTTATTAATATCTATATTAGATGTTATC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2461_Genome_Tile_rc|1
TAGGAAATTCAAATGACATGATTCTACTTTGCAAATACCTATATCTATCTTCTTTATTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2481_Genome_Tile_rc|1
ACTATCAAAAGGAAATTTATTAGGAAATTCAAATGACATGATTCTACTTTGCAAATACCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2761_Genome_Tile_rc|1
TACAGGTTGATATCCTAGGCGCATAACACCATTCCCTCCTTGCCATAATTTAAAAGCACCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt2881_Genome_Tile_rc|1
AAGGCTAGTCTGCACCAAGTTCCACGGTTCATCAGCATACTCAGAAGTTGTAAACTTTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3021_Genome_Tile_rc|1
CACTTATCATCTGAGTTTTGTATAATATATCCATGTCCATACAGTATAAATCATAAGATTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3081_Genome_Tile_rc|1
TTATGTTTTCCCTCTGTATAGTAAGCACCCCTCATAGTCCACAGCACCTTCTACCTTTTGC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3101_Genome_Tile_rc|1
CAAATCTAAGGTAGTAGTGCTTATGTTTTCCCTCTGTATAGTAAGCACCCCTCATAGTCCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3121_Genome_Tile_rc|1
AAATCTGTTAGCATCTGCTTCAAATCTAAGGTAGTAGTGCTTATGTTTTCCCTCTGTATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3281_Genome_Tile_rc|1
CGTATCGTTTTTGTGTGGTGAGACGCTGGAAGAGGGCTGGAGGGATGTGGTGTGCGAGG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3401_Genome_Tile_rc|1
GTCTTGATCTTGATCTGACACGTTGTCTCGATGTCGCCTGCGTTCCTTCTCCGTCTCCTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3481_Genome_Tile_rc|1
TTCTCTTCTCCCTCGTGACCCTCCTCCTCGCCCTTTCCCTCGTTTGACTGAGGTTTCTTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CATATTTGTAGCCACCCTTATGCCTTTTATGCACCCTGTAGCGATAGCATTTAAGCTGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TCCGAGCGCGTCCCCTCTGTTCATTGTTATGTTCTGTGATCCATGACCAAGTACTACTGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TGATGAAAACAGAACAAGCATCCGAGCGCGTCCCCTCTGTTCATTGTTATGTTCTGTGAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3861_Genome_Tile_rc|1
AATGCTTCCCTTTGTTCTGTTGATGAAAACAGAACAAGCATCCGAGCGCGTCCCCTCTG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3881_Genome_Tile_rc|1
GTAATTTTCATAGTGTCTAGAAATGCTTCCCTTTGTTCTGTTGATGAAAACAGAACAAGCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3941_Genome_Tile_rc|1
AAAAAGGGTTAGTTAATTAATAAATTATCAAGATTCCCATAGGACCAATCAACACCCTGAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TGTAAGGATGCAATTAGTAAAAAGGGTAGTTAATTAATAAATTATCAAGATTCCCAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TTAGCAGATTAGTATATTAGTGTAAGCATGCAATTAGTAAAAAGGGTTAGTTAATTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4621_Genome_Tile_rc|1
TTTCAAACACCAATATATGATCTGATAATGAAGACTCCCAGCTATTGGTGTAGACTCAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4641_Genome_Tile_rc|1
TATAGCTTGACCCCCTGTGTTTTCAAACACCAATATATGATCTGATAATGAAGACTCCCC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4661_Genome_Tile_rc|1
ATTTCTTCTCTTGTACCACCTATAGCTTGACCCCCTGTGTTTTCAAACACCAATATATGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4681_Genome_Tile_rc|1

AAGGTAATGATTGTAGTTCAATTTCTTCTCTTGTACCACCTATAGCTTGACCCCCTGTGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CGAGTAGGAGTGGCCTCTTCTATTTCAAAGCTATACCTGGAAGGTAATGATTGTAGTTCA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4801_Genome_Tile_rc|1
GAGTTAATCTTCGATTGTACAAGGCCCTACGTAAAGCAGAAACAGCTTGCCTACCTCTTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GGTTTGGATAAAAAATAAGGGTCTTCTACAGCTATCTGTTGAGTTAATCTTCGATTGTAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TTAGGGAAGCGCGTCGCCCTAGCCTACTTACCCTAACATAGCCTTGAGGAGTTTCAGAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CTGAGTACCACTCCTAGTCCTTAGGGAAGCGCGTCGCCCTAGCCTACTTACCCTAACATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5081_Genome_Tile_rc|1
AAATGAACCTGTGCACCAACCTGAGTACCACTCCTAGTCCTTAGGGAAGCGCGTCGCCCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TCTCCTAAAAGTTGTAATTCTATGGGCTCCTCAGTGTTAATTGTACTAAGGTCCCTGTAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5221_Genome_Tile_rc|1
GGCTAGGTGTTTCATTAATATTAACATCTATAAGTGTACTTTCAACAGGCCCTTGTAACA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AAATCTGAAGTTTCCAAAAGGCTAGGTGTTTCATTAATATTAACATCTATAAGTGTACT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5261_Genome_Tile_rc|1
AGTAATAAATCTTCAGAATTAAATTCTGAAGTTTCCAAAAGGCTAGGTGTTTCATTAATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5361_Genome_Tile_rc|1
CCTAGGAGAACTGAATCTAGGTACAGTAACAGATGAAGTTGACCTCCTAGATGTACCAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TGAATATATAAACTTGTTTCCCTAGGAGAACTGAATCTAGGTACAGTAACAGATGAAGTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt5401_Genome_Tile_rc|1
CATTATAACCTTCAATATCTTGAATATATAAACTTGTTTCCCTAGGAGAACTGAATCTAG
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6141_Genome_Tile_rc|1
ACAGAATTTTTTCAGTTCTATAGGTGGACATTTTCCCTGTTGATCTCCTGCATTTTACAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6241_Genome_Tile_rc|1
TTCGTCTACTAAATCTAAGCTAACATCTGATCTATTTCAGGGATAGAGTTTAAATTTAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6401_Genome_Tile_rc|1
TATGATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCCAACATTACCTCCTCTGGTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6421_Genome_Tile_rc|1
CTTAGGAGGTAAATAAAATTTATGATCTTGATTATTTGCTCCATCTGGAGTAGCGTCTCC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6441_Genome_Tile_rc|1
AGTGTGTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAATTTATGATCTTGATTATTTGCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6461_Genome_Tile_rc|1
GAAAGTAAATTTGAATTTCTAGTGTTTGACTTTGTGATGACTTAGGAGGTAAATAAAATT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6481_Genome_Tile_rc|1
TAGAGAACCCTAACAGTAGGAAAGTAAATTGAATTTCTAGTGTTTGACTTTGTGATGA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6641_Genome_Tile_rc|1
TAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGTGTTTCTAGTGTTATCAGCAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6661_Genome_Tile_rc|1
GCTAGAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGTACACAAATGGTAAAGTTAGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6681_Genome_Tile_rc|1
CTTAAAAATCTCTAAATTTGCTAGAATCATACTCAGTTATAGCACCATTATCTGAAGGT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6701_Genome_Tile_rc|1
TTTGATACTCTCCACGTGCCTTAAAAATCTCTAAATTTGCTAGAATCATACTCAGTTA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6761_Genome_Tile_rc|1
TGATCTGGGCTAGCACATCAGGTTGCAGTGATACTTTACACAGTTGTAATATTACAGATA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6861_Genome_Tile_rc|1
GCTGAGGAATTTATAAATCTATAGGTGTCATGTACTGCATTGTCAGGAGTTGGTACAAAT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6881_Genome_Tile_rc|1
CCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATTTATAAATCTATAGGTGTCATGTACTGCAT

>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt6901_Genome_Tile_rc|1
CTCTCTATCTTTTGCAGGAACCTTATCTGGACATTTAGTGGCTGAGGAATTTATAAATCT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7021_Genome_Tile_rc|1
CCTGGTGTCTGTAACTCTGCTTGAACAAAACTTTCTTCTAAAGGATATTGATCTAA
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7041_Genome_Tile_rc|1
CTACGCTTTAATGATTTGACCCTGGTGTCTGTAACTCTGCTTGAACAAAACTTTCTT
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7081_Genome_Tile_rc|1
TGTCCGTCGTCGTTTTGCAGTACCCCGAGAAACAGATCTGCTACGCTTTAATGATTTGAC
>HPVFA75/KI88-03_Unclassified_206902429_nt7261_Genome_Tile_rc|1
GACAGACTGCCAAGTCTTTGTAAGGTGAAGTACCGGCTGCGATTTATAAGCAGATTATAC
>HPV9_Beta_9627396_nt0141_Genome_Tile_rc|1
TGGCACCTTATATATTTATGTCTATATAAGCTTATTAACGAAGGCGGTCATATGAAAATG
>HPV9_Beta_9627396_nt0161_Genome_Tile_rc|1
AATCTGCTCTGTAAATACATGGCACCTTATATATTTATGTCTATATAAGCTTATTAACG
>HPV9_Beta_9627396_nt0181_Genome_Tile_rc|1
CTAGGTTTTGGCCTGTCCATAATCTGCTCTGTAAATACATGGCACCTTATATATTTATG
>HPV9_Beta_9627396_nt0261_Genome_Tile_rc|1
AAAATCTATTGCAAAATTTACAAGGTATCAACAAATCTATTAAAGGAATCACAAGAGTGT
>HPV9_Beta_9627396_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AAGTAGCTCAAAAATAAGATAAAAATCTATTGCAAAATTTACAAGGTATCAACAAATCTAT
>HPV9_Beta_9627396_nt0301_Genome_Tile_rc|1
AAACACTTGTGATCAAAATTAAGTAGCTCAAAATAAGATAAAAATCTATTGCAAAATTTA
>HPV9_Beta_9627396_nt0321_Genome_Tile_rc|1
CCTCTGTCCAAATAAGCTGTAAACACTTGTGATCAAAATTAAGTAGCTCAAAATAAGATA
>HPV9_Beta_9627396_nt0341_Genome_Tile_rc|1
GAGTCCATACACCAAATCCTCCTCTGTCCAAATAAGCTGTAAACACTTGTGATCAAAATT
>HPV9_Beta_9627396_nt0401_Genome_Tile_rc|1
AGCAAATTGAAAAAATGTGTAAATTCTAACTGTGCAGACGCATAAGCACAGCTACTACA
>HPV9_Beta_9627396_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TCTATATCTTTTCCAACCTACAGCAAATTGAAAAAATGTGTAAATTCTAACTGTGCAGAC
>HPV9_Beta_9627396_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TAGCTGTTTCTTCTACAGTTTCTATATCTTTTCCAACCTACAGCAAATTGAAAAAATGTG
>HPV9_Beta_9627396_nt0481_Genome_Tile_rc|1
AACTTAAACAGTAGCGACACCTAATACAAATATTTCCAATAGCTGTTTCTTCTACAGTT
>HPV9_Beta_9627396_nt0521_Genome_Tile_rc|1
AAACTTATAGCATGTAGCTAACTTCTCCACTAAGTCTAATAACTTAAACAGTAGCGACA
>HPV9_Beta_9627396_nt0541_Genome_Tile_rc|1
CTGACCTTATAAACTGCTCAAACCTTATAGCATGTAGCTAACTTCTCCACTAAGTCTAAT
>HPV9_Beta_9627396_nt0761_Genome_Tile_rc|1
ATAAACGAAGTCTTGCACCGCAACCACAGCCAGCTACGATCTTGTAGGGAGTGAGACACT
>HPV9_Beta_9627396_nt0781_Genome_Tile_rc|1
TAAATTTGTAGCAAGCACGTATAAACGAAGTCTTGCACCGCAACCACAGCCAGCTACGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt0821_Genome_Tile_rc|1
GTATATCACCCAGCAAAAGTTTCTGTTGCGCTCGAATTCCTAAATTTGTAGCAAGCACGT
>HPV9_Beta_9627396_nt1661_Genome_Tile_rc|1
TCGCAACTTTGGAGGCTCACTTAATAATTGCACTTCAGATACTTGCAGCAAAGTGCTTAA
>HPV9_Beta_9627396_nt1881_Genome_Tile_rc|1
CTGTTTCAGCCAGCTTTGCATATTGATATGCAATGGTAGCTTCATCAAAATATTCATGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt2061_Genome_Tile_rc|1
TAAACCGTACTATATCTGACCATTGCCATTGCTTTTCCACTGTAAGCAGTTTTCTATGTA
>HPV9_Beta_9627396_nt2121_Genome_Tile_rc|1
TTTGCAGAAATGCTTTAAATACTGTTAGAAATTCATAAAATTAATATCCTGGTATCTAA
>HPV9_Beta_9627396_nt2281_Genome_Tile_rc|1
GCAAGTTTAGTATCAGCTATAGTTGTAGCCAAAAAGTACTTTTGCAATTGGCAAATGAC
>HPV9_Beta_9627396_nt2461_Genome_Tile_rc|1

AAATATTTGTACTTTTGGTCTTTAGTAATATCTATGTTAGACGTTAACATAAGGGGTGGA
>HPV9_Beta_9627396_nt2501_Genome_Tile_rc|1
AAATTTGTTATTGAAAGCAAAGGATTTAACTCTGCTGTGCAAATATTTGTACTTTTGGTC
>HPV9_Beta_9627396_nt2521_Genome_Tile_rc|1
TTGTGATTAGCATCAAGTGGAAATTTGTTATTGAAAGCAAAGGATTTAACTCTGCTGTGC
>HPV9_Beta_9627396_nt3121_Genome_Tile_rc|1
AATATGTTTTTACAGTCCCTTCAAAGTAATAGGCTCCAAAATAATCCACGTGACCTTGAA
>HPV9_Beta_9627396_nt3141_Genome_Tile_rc|1
ATCTTTGTCAAAGTTAATATAATATGTTTTTACAGTCCCTTCAAAGTAATAGGCTCCAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt3161_Genome_Tile_rc|1
GTTCTGCCATACCTGGCTGCATCTTTGTCAAAGTTAATATAATATGTTTTTACAGTCCCT
>HPV9_Beta_9627396_nt3301_Genome_Tile_rc|1
CAGGGAGTCGCGATGTTGTTGGCGACCCCGACCTGGAAAGGGTGTGCTTGGAGGTCTCTC
>HPV9_Beta_9627396_nt3441_Genome_Tile_rc|1
CCTGTAGTTGGTTTCTTCTCCTTCTCCTTCTCCTTCTCCTTCTCCTTGTCTCTGTCTTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt3481_Genome_Tile_rc|1
TTTCGGTTTCTGTTTCGACCCTTGGATCTGGACCTTTGTCTCCTGTAGTTGGTTTCTTCTC
>HPV9_Beta_9627396_nt3921_Genome_Tile_rc|1
ATATGTGTCAAAGGCTAAAATCATTCGCGCTCTTCCAACCTATCACAACGTCTTCCCC
>HPV9_Beta_9627396_nt3941_Genome_Tile_rc|1
ATGAATTGTTGTCTGTGCTCATATGTGTCAAAGGCTAAAATCATTCGCGCTCTTCCAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt3961_Genome_Tile_rc|1
GTGGTAATTTTCATAGTCCTAATGAATTGTTGTCTGTGCTCATATGTGTCAAAGGCTAAAA
>HPV9_Beta_9627396_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TAAAGACCAATCTACTGTAGGTGGTAATTTTCATAGTCCTAATGAATTGTTGTCTGTGCTC
>HPV9_Beta_9627396_nt4021_Genome_Tile_rc|1
GCGTTAGCGTTAGTAAAGCTTACAGATCATCAACATTTCTTAAAGACCAATCTACTGTAG
>HPV9_Beta_9627396_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATGGGTTAGTAGCAATGCCAGCGTTAGCGTTAGTAAAGCTTACAGATCATCAACATTTCC
>HPV9_Beta_9627396_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GTATGGGTTTGTAGTTAGTATGGGTTAGTAGCAATGCCAGCGTTAGCGTTAGTAAAGCT
>HPV9_Beta_9627396_nt4541_Genome_Tile_rc|1
TTCTACCTTCTGTTACAACCTGGAGTATCTACTACAGCATTGTCCACTGGTACTGGGTGTA
>HPV9_Beta_9627396_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TAAAATGGCAGACGAGCCTCTTCTACCTTCTGTTACAACCTGGAGTATCTACTACAGCATT
>HPV9_Beta_9627396_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CTACTAGCTGGCCCCCAGATCCTTCAAAAACCTATAATATGATCTGCTAAGGAAGATTAC
>HPV9_Beta_9627396_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GTATGATTCCCTAGGACCACCTACTAGCTGGCCCCCAGATCCTTCAAAAACCTATAATATG
>HPV9_Beta_9627396_nt4761_Genome_Tile_rc|1
ATGTTTTTCAGAAGATGCTGTGTATGATTCCCTAGGACCACCTACTAGCTGGCCCCCAGAT
>HPV9_Beta_9627396_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TAGGAAATCTTGTAAATCTATGTTTTTCAGAAGATGCTGTGTATGATTCCCTAGGACCAC
>HPV9_Beta_9627396_nt4881_Genome_Tile_rc|1
TATAGAGCTCTACGCAGACTAGATAATGATTGTACTGCTCTTTGGACAGGTGTACTAGTC
>HPV9_Beta_9627396_nt4901_Genome_Tile_rc|1
GTTCTGTAAGACGCTCTGTTATATAGAGCTCTACGCAGACTAGATAATGATTGTACTGCTC
>HPV9_Beta_9627396_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TAGAAATGAACCTGTGCGCCACCTGTGCACCACTACGTGTGCGGATTGTTGCTCTTCGG
>HPV9_Beta_9627396_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GTAAGTCTTCAGAATTAAAATCCACATCTTCAACAGAAGGGGTTTCTGTCTTCCCACCT
>HPV9_Beta_9627396_nt5401_Genome_Tile_rc|1
TTCTACACCTCATCTAACAGTAAGTCTTCAGAATTAAAATCCACATCTTCAACAGAAGG
>HPV9_Beta_9627396_nt5421_Genome_Tile_rc|1
AGCTGAGACCCACTAAAATCTTCTACACCTCATCTAACAGTAAGTCTTCAGAATTAAAA

>HPV9_Beta_9627396_nt5541_Genome_Tile_rc|1
CTAGACTCGGGATAGGACACTGTGTAGCCTTGTATATCCTGAATATAAAAACTAGTGTCC
>HPV9_Beta_9627396_nt5561_Genome_Tile_rc|1
AAATTATATCTGTGGTTTGTCTAGACTCGGGATAGGACACTGTGTAGCCTTGTATATCCT
>HPV9_Beta_9627396_nt5601_Genome_Tile_rc|1
TTGATGTGGATTACTACTGTGGGGGTGTCAGGATGTGGAAAAATTATATCTGTGGTTTGT
>HPV9_Beta_9627396_nt5641_Genome_Tile_rc|1
TTGGAGACTTGGGTGTAAATAATAATCTCCTGATGTATCATTGATGTGGATTACTACTGT
>HPV9_Beta_9627396_nt5861_Genome_Tile_rc|1
TGTCCGTCGCTGAGCGGACATCATAATATGGATGACCCACTGTTAGCAAACGGTCACTA
>HPV9_Beta_9627396_nt5901_Genome_Tile_rc|1
CCGATACTGATTACCAGACACTTTAGGGACTTCAATCCTTTGTCCGTCGCTGAGCGGAC
>HPV9_Beta_9627396_nt6241_Genome_Tile_rc|1
ATAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTTGGCTTTATCCCAGTGTTCTC
>HPV9_Beta_9627396_nt6261_Genome_Tile_rc|1
TCTTAATTCTATAGGAGGACATAAGCCTAGTTGATTATTAGCATCCTTTTCACACACTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt6541_Genome_Tile_rc|1
GCAAAAAGAAATTATGATCCTGGTTTACTGCACCATCAGGAACAGCGTCACCAACTGAAC
>HPV9_Beta_9627396_nt6601_Genome_Tile_rc|1
TTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTGTTGTTGATCACTTTTTTGCTG
>HPV9_Beta_9627396_nt6621_Genome_Tile_rc|1
TGAAGTTACTAATGACCCACTTACTGTAGGATAGTAGGTGGAATTAGCTATTGTTTCGTTG
>HPV9_Beta_9627396_nt6781_Genome_Tile_rc|1
ATTCTTCTGTTTGTAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGTAAAATTGGTGTTACGTGTAT
>HPV9_Beta_9627396_nt6801_Genome_Tile_rc|1
TCTAATATTATTGGCATTATATTCTTCTGTTTGTAGCTGCCTCTGTAGACACACTAATGGT
>HPV9_Beta_9627396_nt7021_Genome_Tile_rc|1
TAGGCTCAACAGCATCTGGGCATTTTGTGGCTTTTGAATCAATATATCTGTAGATATCAT
>HPV9_Beta_9627396_nt7181_Genome_Tile_rc|1
GATGTTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTTGCAAACCAGCTTGAAAAAGA
>HPV9_Beta_9627396_nt7201_Genome_Tile_rc|1
GCCTTCTCTTAGCATTTTTTAGATGTTTTAACAGATGTTTTAATAGGACGTTTTTCGTGTTT
>HPV9_Beta_9627396_nt7241_Genome_Tile_rc|1
ATAACTTAAATTTTATTGGAAACCGATATCGGTTAGGTTTCGCTTCTCTTAGCATTTTTTA
>HPV111_Beta_186461202_nt0201_Genome_Tile_rc|1
AGATAAGAATCTATTGCAAAAGTTGCATGGTAATAATAAATCTATTACAGGAATTGCTAG
>HPV111_Beta_186461202_nt0221_Genome_Tile_rc|1
AAACTCAGCAACTCAAAGTAAGATAAGAATCTATTGCAAAAGTTGCATGGTAATAATAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt0241_Genome_Tile_rc|1
GTTGCAAAATACTTATAATCAAACCTCAGCAACTCAAAGTAAGATAAGAATCTATTGCAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt0261_Genome_Tile_rc|1
GTCTTCAACAGTCCATATCAGTTGCAAACTTATAATCAAACCTCAGCAACTCAAAGTA
>HPV111_Beta_186461202_nt0281_Genome_Tile_rc|1
CTACATATAGCATATACTAAGTCTTCAACAGTCCATATCAGTTGCAAACTTATAATCA
>HPV111_Beta_186461202_nt0341_Genome_Tile_rc|1
ACAACAGAGTATTCAAATATTTTATAAATCAAACCTGTGCTGAAGCAAAAGCACAACTA
>HPV111_Beta_186461202_nt0361_Genome_Tile_rc|1
CAGTTTCTATCTGTTTTCTTACAACAGAGTATTCAAATATTTTATAAATCAAACCTGTG
>HPV111_Beta_186461202_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TCCAATAGGCTGGTTTGTCTACAGTTTCTATCTGTTTTCTTACAACAGAGTATTCAAATA
>HPV111_Beta_186461202_nt0421_Genome_Tile_rc|1
CCAATTTTTTCAAACAATATTGACACCTAACAGTAATATTTCCAATAGGCTGGTTTGTCTA
>HPV111_Beta_186461202_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TCCTAGCTTCTCTACCAGATCCAATTTTTTCAAACAATATTGACACCTAACAGTAATATT
>HPV111_Beta_186461202_nt0461_Genome_Tile_rc|1

TATTGTTGTTTGTAGCACACTCCTAGCTTCTCTACCAGATCCAATTTTTTCAAACAATAT
>HPV111_Beta_186461202_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TCTGCACAATCCTTTCCAATTATCCCTAACTCTATGAAAATATTGTTGTTGTAGCACAC
>HPV111_Beta_186461202_nt0701_Genome_Tile_rc|1
AAAGACGTATAAGCGAAGTCTTGTACCACAATTGCAAGCAACTACAATTTTGTAAAGGAGT
>HPV111_Beta_186461202_nt0741_Genome_Tile_rc|1
GTAATAGTTCTTGTGGGCTCTTATTCCAAGTTCCGTAGCAAAGACGTATAAGCGAAGTC
>HPV111_Beta_186461202_nt0761_Genome_Tile_rc|1
CACAAGCTGTACTTCACCCAGTAATAGTTCTTGTGGGCTCTTATTCCAAGTTCCGTAGC
>HPV111_Beta_186461202_nt1301_Genome_Tile_rc|1
AATTTAGCCAGTAACACAGCTTTCACATTATTAGATTTAAGTAATCTTTTACAATCTCC
>HPV111_Beta_186461202_nt1421_Genome_Tile_rc|1
GAACCTTCTACAAGATCGCCATTAGCTGCATAAATACTAATTACCCAATCTCTACAACAT
>HPV111_Beta_186461202_nt1441_Genome_Tile_rc|1
GCTGTATCAACAATTGCTTAGAACCTTCTACAAGATCGCCATTAGCTGCATAAATACTAA
>HPV111_Beta_186461202_nt1581_Genome_Tile_rc|1
ATCTGCCAATACCTGCACTTCTGATACTGTAAATATTGTGCTTAATAATCGTAGTACAGT
>HPV111_Beta_186461202_nt1601_Genome_Tile_rc|1
ACGCTGCGCAATTTAGGAGGATCTGCCAATACCTGCACTTCTGATACTTGTAAATATTGTG
>HPV111_Beta_186461202_nt1701_Genome_Tile_rc|1
ATGATTGATCATTGTTTGTGCTAATATCCAATCTGGGTATGTACCGTGAGCATACACATT
>HPV111_Beta_186461202_nt1921_Genome_Tile_rc|1
TCATCTCTCGCATCTCCCCTCGAATATAATGTCTTACCATAGTAGCACATTCCCTGACAA
>HPV111_Beta_186461202_nt2061_Genome_Tile_rc|1
CCTATTATGTAAAACTTAGTAAATACAGAAAAGAAATCTATAAAATTTATTCCTTGATA
>HPV111_Beta_186461202_nt2101_Genome_Tile_rc|1
TATCTGGTGGTCCATGAAGCAATATGCAGTTTTGTCTAGGCCTATTATGTAAAACTTAG
>HPV111_Beta_186461202_nt2161_Genome_Tile_rc|1
AAGAGAGCACTTTACCTTTAAGAACATTAATGAGAGACATGGTAAACATAGATTTACCAG
>HPV111_Beta_186461202_nt2181_Genome_Tile_rc|1
AGTACTTCTACAATTTGCAAAAGAGAGCACTTTACCTTTAAGAACATTAATGAGAGACAT
>HPV111_Beta_186461202_nt2301_Genome_Tile_rc|1
TAAACAGACAACATTGCCATCTAATCCATTACGCAAATAATTATCAATATAATCCCAACA
>HPV111_Beta_186461202_nt2361_Genome_Tile_rc|1
GTTTGATGTTAATAATAGTGGGGGAAATTTTACTTGACAAGGTGCTCTATGTTTTATGTC
>HPV111_Beta_186461202_nt2381_Genome_Tile_rc|1
TGCTCCTTGGATATATCTATGTTTGATGTTAATAATAGTGGGGGAAATTTTACTTGACAA
>HPV111_Beta_186461202_nt2441_Genome_Tile_rc|1
AAGGGGAACCTTGTTAGTAAAAGCAAAGCATTTAATTCTGCTATGTAAATATTTATGCTTC
>HPV111_Beta_186461202_nt2701_Genome_Tile_rc|1
ACTCCATTTTTTCGAGCAAAGTACAATAAACTTGCTCTTGTCTCAATGCTTGCCAATGT
>HPV111_Beta_186461202_nt2961_Genome_Tile_rc|1
ATATATCTTCCATACTGTATAGCTCATTAGATTCTCTGGATCGCCATCAAAGATTACTT
>HPV111_Beta_186461202_nt2981_Genome_Tile_rc|1
GTCAGTCACAGTTTGATAATATATATCTTCCATACTGTATAGCTCATTAGATTCTCTGG
>HPV111_Beta_186461202_nt3061_Genome_Tile_rc|1
TCAATATAATAAGTTTTCAAAGCCCCTTCAAAATAAAAGGCTCCGAAATAATCCACTTGG
>HPV111_Beta_186461202_nt3221_Genome_Tile_rc|1
TGGTGATTGCGGCCTGGATGAGGTGTTGCCGGAGGCCTCTCCACTGGCCCCGTCTCCAGG
>HPV111_Beta_186461202_nt3361_Genome_Tile_rc|1
CTTGATTTCCTTGTAATGGCTTTTTGTCTTTTCTTTGTCTTTCTTGCCGCGTGGTGGTG
>HPV111_Beta_186461202_nt3841_Genome_Tile_rc|1
ATAAACTGTTCTCGATGTTTGTATGTATCAAAAGCTAAAAGCATTCTAGATCTGCCTACT
>HPV111_Beta_186461202_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GTGGTAATTTTCATAGTAGTGATAAACTGTTCTCGATGTTTGTATGTATCAAAAGCTAAAA

>HPV111_Beta_186461202_nt3921_Genome_Tile_rc|1
GCATAAGTTAGTAAGTAAATTATAAATCATCTAAATGTCCAAATGACCAGTCTACCTTAG
>HPV111_Beta_186461202_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TTTTGCCCTAGCCATTATTTGTTAGTGTGTTAGTAGCAATGCATAAGTTAGTAAGTAAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt4281_Genome_Tile_rc|1
GGGTCAATGGGTCTGACTGTGTCTATAGGTATTAAGTCTGCAGGGCCTATTACCTCTGGA
>HPV111_Beta_186461202_nt4621_Genome_Tile_rc|1
AACTATGGAGGGTTCTCGAGCACCTCCAACCAACTGTCCTCCAGAGCCTTCAAACACAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt4641_Genome_Tile_rc|1
TGCAGTTCTATAGTTTCAGTAACTATGGAGGGTTCTCGAGCACCTCCAACCAACTGTCCT
>HPV111_Beta_186461202_nt4661_Genome_Tile_rc|1
TGTATCTAGAAGGTAATTCTTGAGTTCTATAGTTTCAGTAACTATGGAGGGTTCTCGAG
>HPV111_Beta_186461202_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CAGCTACCTGCTCTGTCAAACGTCTATTGTACAGTGCTCTTCTTAAAGTACTAAGTGATT
>HPV111_Beta_186461202_nt4801_Genome_Tile_rc|1
TAAGAATAAAGGGTCAGTTACAGCTACCTGCTCTGTCAAACGTCTATTGTACAGTGCTCT
>HPV111_Beta_186461202_nt4821_Genome_Tile_rc|1
ACAAGACGTGAAGGTTTTGTTAAGAATAAAGGGTCAGTTACAGCTACCTGCTCTGTCAAA
>HPV111_Beta_186461202_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GATTATCAAACGTGAAAGTGTACAAGACGTGAAGGTTTTGTTAAGAATAAAGGGTCAGTTA
>HPV111_Beta_186461202_nt5121_Genome_Tile_rc|1
TCTCCAGAATGTTACCTAATAATTCCATTTCTATTGGTGCTTCAGTGTTAATGCTACTT
>HPV111_Beta_186461202_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TACTAAAGAACTCTCTACTGGTCCTTGAAAAATAGTGCTATCTCCAGAATGTTACCTAA
>HPV111_Beta_186461202_nt5181_Genome_Tile_rc|1
GGTTCATCAATATTAACATCTACTAAAGAACTCTCTACTGGTCCTTGAAAAATAGTGCTA
>HPV111_Beta_186461202_nt5241_Genome_Tile_rc|1
TTAAAATCTATTTTCATCTTCTAATGGAGGGGTTTCCGGTCTGCCTACAACCAAGGCGTCA
>HPV111_Beta_186461202_nt5281_Genome_Tile_rc|1
AAAATCTTCTACCCCTTCCTCCAATAACAAATCTTCTGAATTAAAATCTATTTTCATCTTC
>HPV111_Beta_186461202_nt5301_Genome_Tile_rc|1
ACTACAAGTTGTGAGCCACTAAAATCTTCTACCCCTTCCTCCAATAACAAATCTTCTGAA
>HPV111_Beta_186461202_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TTGTGCTTCGCCTAGTACCTACTACAAGTTGTGAGCCACTAAAATCTTCTACCCCTTCCT
>HPV111_Beta_186461202_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GCGGGGAAGTGTAAATGTATTTGTGCTTCGCCTAGTACCTACTACAAGTTGTGAGCCACT
>HPV111_Beta_186461202_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GTATCTGATATGTGAATCACAACTGTGGGAGCTTCTGGATGAGGAAAAATAATATTTTCA
>HPV111_Beta_186461202_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GTAAATAATAATCACCAGAAGTATCTGATATGTGAATCACAACTGTGGGAGCTTCTGGAT
>HPV111_Beta_186461202_nt6301_Genome_Tile_rc|1
AACAAGCGTCCCATAGACGTCATTAGCCATAGTTAGGAAGTCAGGGTATTACATACTT
>HPV111_Beta_186461202_nt6421_Genome_Tile_rc|1
GTGCTGGCAGATAATAATTGTGATTTTGTGCACTGCTGCATCTGGAATTGCATCTCCTA
>HPV111_Beta_186461202_nt6461_Genome_Tile_rc|1
TAAATGGAGTTACCCAAAATGTTTTGTTGTTGATTACCCTGTGCTGGCAGATAATAATTG
>HPV111_Beta_186461202_nt6641_Genome_Tile_rc|1
TTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAATTAGTGTTTCTGGTATTATCTGCTACTGTT
>HPV111_Beta_186461202_nt6661_Genome_Tile_rc|1
TAGCATTATATTGCTGTGCATTAGCTTCTGTGGATACGCTTATAGTAAATTAGTGTTTC
>HPV111_Beta_186461202_nt6741_Genome_Tile_rc|1
AACTAAAGAACTTTACATAGTTGAAGAATCAAAGACAATTGATATTCTTCTACATGTCT
>HPV111_Beta_186461202_nt6761_Genome_Tile_rc|1
ATTTGAGATAAACTTCTGGAATAAAGAACTTTACATAGTTGAAGAATCAAAGACAAT
>HPV111_Beta_186461202_nt7061_Genome_Tile_rc|1

GATTTAGTAGATTTTCACAGACGAAGGTTTTAAAGTCCGTTTTTCGTGTTTGTAACCAGCC
>HPV111_Beta_186461202_nt7081_Genome_Tile_rc|1
AGGTGCGTCTGCGTTTTGCAGATTTAGTAGATTTTCACAGACGAAGGTTTTAAAGTCCGTT
>HPV110_Beta_186461194_nt0081_Genome_Tile_rc|1
AGAAATATATTTATGTAGATGTACCTAAATTGTAACGCATGCGGTTACATGTAGCTATAA
>HPV110_Beta_186461194_nt0201_Genome_Tile_rc|1
CAAAATCTACACGGTATTAATATGTCTAAAACAGGAATGCATAATGTATCTGCAAGCTGT
>HPV110_Beta_186461194_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TATATGATAAAAACCTAGTACAAAATCTACACGGTATTAATATGTCTAAAACAGGAATGC
>HPV110_Beta_186461194_nt0241_Genome_Tile_rc|1
ATCAAAACCTAATAATTCTATATATGATAAAAACCTAGTACAAAATCTACACGGTATTAA
>HPV110_Beta_186461194_nt0261_Genome_Tile_rc|1
ATAAGTTGTAACCCTTTATAATCAAAACCTAATAATTCTATATATGATAAAAACCTAGTA
>HPV110_Beta_186461194_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TCTACTATTTCTATTTACGTCCATTTACAGAATGTTTCATAAAAACCTTGTAATTCATAT
>HPV110_Beta_186461194_nt0401_Genome_Tile_rc|1
CTTCCCCAATTCCTTTTTGCTCTACTATTTCTATTTACGTCCATTTACAGAATGTTTCAT
>HPV110_Beta_186461194_nt0461_Genome_Tile_rc|1
AAACTTCTAGCTTCTCTATTAGATCTAGACGTTTTAAACAATATTGGCAACGCACAACCA
>HPV110_Beta_186461194_nt0481_Genome_Tile_rc|1
AAATTGCTGATGCTTACAACAACTTCTAGCTTCTCTATTAGATCTAGACGTTTTAAACA
>HPV110_Beta_186461194_nt0741_Genome_Tile_rc|1
AATTCCAAAAACTGTTGCAAGCACAAAAAGCCGAAGTCGCGCACCACAAAGGCCACAAGC
>HPV110_Beta_186461194_nt0781_Genome_Tile_rc|1
GCAGCTGTACTTCACCAAGCAAAATTTCTTGCTGAGTACGAATTCCAAAAACTGTTGCAA
>HPV110_Beta_186461194_nt1341_Genome_Tile_rc|1
CCAAATGATTCCCTTAAATTTGGCCAATAATACAGCCTTTACATTGCTGCATTTAAGTAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt1601_Genome_Tile_rc|1
CTATTAATTGAATCTCTCCAATTTGCAAGAGACTCATTAGCAATCTACAAACAGTGTCTC
>HPV110_Beta_186461194_nt1621_Genome_Tile_rc|1
TCTTAACCTTTGGTGGCTCAGCTATTAATTGAATCTCTCCAATTTGCAAGAGACTCATTA
>HPV110_Beta_186461194_nt2061_Genome_Tile_rc|1
ACATCAAGAAAGTAAATAAAATTAATTTCTGAAACCGTAAAAATTTAACTATATGCGAC
>HPV110_Beta_186461194_nt2081_Genome_Tile_rc|1
TATGCAAAAAAGCTTTAAATACATCAAGAAAGTAAATAAAATTAATTTCTGAAACCGTA
>HPV110_Beta_186461194_nt2121_Genome_Tile_rc|1
GGAGGTCCATGTATTAGTATACAATTTTGTTTAGGAGTATTATGCAAAAAAGCTTTAAAT
>HPV110_Beta_186461194_nt2341_Genome_Tile_rc|1
TTTATGTTTCATATCCAGACAAACAACATTCCCATCTAATACATTTCTAAGATATTTATC
>HPV110_Beta_186461194_nt2361_Genome_Tile_rc|1
AATTTTAATTGGCATGGAGCTTTATGTTTCATATCCAGACAAACAACATTCCCATCTAAT
>HPV110_Beta_186461194_nt2401_Genome_Tile_rc|1
TTTCATTATATCCATATTGGATGTTAATAATAAGGAGGAAATTTTAATTGGCATGGAGC
>HPV110_Beta_186461194_nt2781_Genome_Tile_rc|1
CTTTAGCTTCACTGGTAGCTAATGGTGGTACCAACTGATACCCCAATCTCATTATGCCAT
>HPV110_Beta_186461194_nt2881_Genome_Tile_rc|1
ACTGCTTCCAAACTAGTCTGCATTAATGTCCATGACTCAGAAGCATAAGGAGACCTTTGC
>HPV110_Beta_186461194_nt3001_Genome_Tile_rc|1
ACTCTTTGATAATAAATGAATGACCATAATGTGTATGACATTAGATTCTCTGGATCACTG
>HPV110_Beta_186461194_nt3021_Genome_Tile_rc|1
CTTTGTTCCAAGTATCATCTACTCTTTGATAATAAATGAATGACCATAATGTGTATGACA
>HPV110_Beta_186461194_nt3301_Genome_Tile_rc|1
GACCGTTGTGTGGTGGTTCGGGTGGGCAGGGGGGAGGCAGACCGTCGCGGACGGTTGAT
>HPV110_Beta_186461194_nt3501_Genome_Tile_rc|1
CCCTGTTGGAGGAGTGGCTCCTGGTGGAGGAGTCTCCTCCCCTCCTTCTGCGTCGATCCC

>HPV110_Beta_186461194_nt3601_Genome_Tile_rc|1
GAGACGCCACGCCTGGTAGAAGGGCCTCTGGATCTCGACCTTGATTTGGAGCGAGATTGG
>HPV110_Beta_186461194_nt3761_Genome_Tile_rc|1
ACTATACTTCTTTTTAGCTCTGTAGCGATAGCACTTTAAGGTGTTAGCAGCGCCGCGCAA
>HPV110_Beta_186461194_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CTAAAGTATTTCACTAAAGCACTATACTTCTTTTTAGCTCTGTAGCGATAGCACTTTAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt3801_Genome_Tile_rc|1
CAACCCAAGACCATGTAGTGCTAAAGTATTTCACTAAAGCACTATACTTCTTTTTAGCTC
>HPV110_Beta_186461194_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TATTTGAGCTAAAAGCTAATAGCATTCTAGCACGCCCTATTCTATCATTATTGTCGCCCC
>HPV110_Beta_186461194_nt4481_Genome_Tile_rc|1
GTACAGCTGCAGAACC GCGGCCACCTGAAACAAC TGGTGTGTCTACTGGCACATTATCTG
>HPV110_Beta_186461194_nt4501_Genome_Tile_rc|1
GCTAGGATCTGCAACTTCTAGTACAGCTGCAGAACC GCGGCCACCTGAAACAAC TGGTGT
>HPV110_Beta_186461194_nt4621_Genome_Tile_rc|1
TTCAAATACTAAAACATGATCTGCCATAGAAGATTTCGCTTAGCAATGGTGTAGATTCTGT
>HPV110_Beta_186461194_nt4661_Genome_Tile_rc|1
CAGCCTGTCTAGTGCCACCAATACTTTGTCCACCTGCACCTTCAAATACTAAAACATGAT
>HPV110_Beta_186461194_nt4701_Genome_Tile_rc|1
CATGATTGTAGCTCAATACTTTCTGTGCTGTATCAATGGCAGCCTGTCTAGTGCCACCA
>HPV110_Beta_186461194_nt5021_Genome_Tile_rc|1
CTTGAGGTGTTTCAGCGACTGTGGGACGGCCTAATCTTACCACATCTAAAAATTGTCTAT
>HPV110_Beta_186461194_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CCGACTGACTCTTAAATAACCTTGAGGTGTTTCAGCGACTGTGGGACGGCCTAATCTTAC
>HPV110_Beta_186461194_nt5081_Genome_Tile_rc|1
GAGCACCCTGCGAGTTCTAATGGTTGCACGCCGTCCAAGCCGACTGACTCTTAAATAAC
>HPV110_Beta_186461194_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GTGTACTTGTGTTCTTACTTGAGCACCCTGCGAGTTCTAATGGTTGCACGCCGTCCAAG
>HPV110_Beta_186461194_nt5161_Genome_Tile_rc|1
ACCAAGTATTTGCATTTCAATAGGAGCTTCAGAATCAATTGTGCTTAAATCTCTGTAAAA
>HPV110_Beta_186461194_nt5261_Genome_Tile_rc|1
CAAAC TGCCCAACATTTAAAGGATCTGGCTCGTCTATATTAACATCTACAAAGGAAC TTT
>HPV110_Beta_186461194_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TTCTTCTATTTCCATTGATTCAAAC TGCCCAACATTTAAAGGATCTGGCTCGTCTATATT
>HPV110_Beta_186461194_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TCAGCAGAATTATAATCTGGTTCTTCTATTTCCATTGATTCAAAC TGCCCAACATTTAAA
>HPV110_Beta_186461194_nt5321_Genome_Tile_rc|1
CATGGTCATCTAGTAAAAAATCAGCAGAATTATAATCTGGTTCTTCTATTTCCATTGATT
>HPV110_Beta_186461194_nt5361_Genome_Tile_rc|1
GGATTTCCAAAATACCAATTGTGAACCACTAAAATCATCTACATGGTCATCTAGTAAAAAA
>HPV110_Beta_186461194_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TCAGTGTTGTCTCTAGATTCTGGGTAAGCAACAGTATGGCCTTGAATATCTTGTATATAA
>HPV110_Beta_186461194_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TATGACCACAGTTGGAGTATCAGGTAGTGGGAGTATAATTTTCAGTGTTGTCTCTAGATT
>HPV110_Beta_186461194_nt5541_Genome_Tile_rc|1
CCACTAGTGTCACTGATGTGTATGACCACAGTTGGAGTATCAGGTAGTGGGAGTATAATT
>HPV110_Beta_186461194_nt7161_Genome_Tile_rc|1
AAAATTTATTGACACCGATATCGGTCACGACCGTTTGC GTTTGGTACCCCTTAGAGACCTT
>HPV110_Beta_186461194_nt7201_Genome_Tile_rc|1
AACACGGTAAAAAACATACTTACATACCAGATTGGTTATAAAAATTTATTGACACCGATA
>HPV107_Beta_126131393_nt0081_Genome_Tile_rc|2
TATCGGTGACAGTTGCAGCCAAATGGATGTTCTGCCAAGAAAAC TGGCAGACTTTTGGC
>HPV107_Beta_126131393_nt0101_Genome_Tile_rc|1
TCAAAACAAAATAC TTTACCGTTATCGGTGACAGTTGCAGCCAAATGGATGTTCTGCCAAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt0141_Genome_Tile_rc|1

ACAATCACCATATGAGTAATTTAGCAACCGGCACCGGTGCTCAAAACAAATACTTACCGT
>HPV107_Beta_126131393_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TTTATATTAGATACTACACATGCGGTTACATGTAATATGTCAAGATGATGGTTGTAAACC
>HPV107_Beta_126131393_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TTGTAGAAGCACAAAATATTTTTATATTAGATACTACACATGCGGTTACATGTAATATGT
>HPV107_Beta_126131393_nt0241_Genome_Tile_rc|1
GTCCATGAGCATCTGAACAGTTGTAGAAGCACAAAATATTTTTATATTAGATACTACACA
>HPV107_Beta_126131393_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TGTACGATTGTCCTTGGCCTGTCCATGAGCATCTGAACAGTTGTAGAAGCACAAAATATT
>HPV107_Beta_126131393_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TATTAAGATGCTGTGTAAGCTGTACGATTGTCCTTGGCCTGTCCATGAGCATCTGAACAG
>HPV107_Beta_126131393_nt0301_Genome_Tile_rc|1
CAGTAAGTCTTCCACTGGTATATTAAGATGCTGTGTAAGCTGTACGATTGTCCTTGGCCT
>HPV107_Beta_126131393_nt0321_Genome_Tile_rc|1
TTGCAAAATTTGCAAGGTACCAGTAAGTCTTCCACTGGTATATTAAGATGCTGTGTAAGC
>HPV107_Beta_126131393_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CTATAAAAGTTAAGAATCGTTTGCAAAATTTGCAAGGTACCAGTAAGTCTTCCACTGGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt0381_Genome_Tile_rc|1
CAAATTAATTGTAAATTTTTATAATCAAATTTGTAAGTTCTATAAAAGTTAAGAATCGT
>HPV107_Beta_126131393_nt0401_Genome_Tile_rc|1
CATATACTAAATTTTCATGCCAAATTAATTGTAAATTTTTATAATCAAATTTGTAAAGTT
>HPV107_Beta_126131393_nt0461_Genome_Tile_rc|1
ATTCAAAATGATTTTTAAATTCAAACGCTGCTGATGCATAAGCACAGCTGCAACAACAAC
>HPV107_Beta_126131393_nt0481_Genome_Tile_rc|1
CTGCTTACCTACAACCTGAAATTCAAATGATTTTTAAATTCAAACGCTGCTGATGCATA
>HPV107_Beta_126131393_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TGCTGAGTGATCTCCTCAATCTGCTTACCTACAACCTGAAATTCAAAATGATTTTTAAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt0521_Genome_Tile_rc|1
TATTAATAAATCCAATACTTTGCTGAGTGATCTCCTCAATCTGCTTACCTACAACCTGAA
>HPV107_Beta_126131393_nt0541_Genome_Tile_rc|1
TAAACAAAACACACATCTAATATTAATAAATCCAATACTTTGCTGAGTGATCTCCTCAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt0901_Genome_Tile_rc|1
CTTGAAGCAAAAGATCCTGCAATGCCGAATGCCAAAATGGGTTGCAAAAACGTAGAGAC
>HPV107_Beta_126131393_nt0921_Genome_Tile_rc|1
TGGACAGATCAGTTGGACTTCTTGAAGCAAAAGATCCTGCAATGCCGAATGCCAAAATG
>HPV107_Beta_126131393_nt1441_Genome_Tile_rc|1
AGTAGCTTTAACATTACTAGATTTTAACAGCTGTTTAAATGCATCTCTCCCACTCCCTT
>HPV107_Beta_126131393_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TCCTTAAATTTTCCATTAAAGTAGCTTTAACATTACTAGATTTTAACAGCTGTTTAAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt1561_Genome_Tile_rc|1
ATCATCTTGAACACAGTATATGGTTACAACCCAATCTTTGCAACACGCTTATTGCTCTT
>HPV107_Beta_126131393_nt1581_Genome_Tile_rc|1
ATCTTAGAAGCTTCTAATAAATCATCTTGAACACAGTATATGGTTACAACCCAATCTTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt1641_Genome_Tile_rc|1
TATAATGTCATAGGCTGTAGTACATGCATCCATATATAATTACAATGTTTTGTAACAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt1741_Genome_Tile_rc|1
GGGAGGCTCTAATAATGCCTGCATATCATCAATTTGCAGAATGGAACCTAATAATCTACA
>HPV107_Beta_126131393_nt1861_Genome_Tile_rc|1
TGCTTGATGACTTATCATAGTTTGAGCTACTATCCAGTCTGGATACGTACCAAATGAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt1881_Genome_Tile_rc|1
GAAAACTGTGTAGCCTCTGCTGCTTGATGACTTATCATAGTTTGAGCTACTATCCAGTCT
>HPV107_Beta_126131393_nt2241_Genome_Tile_rc|1
TAAAGCACATACAATTTCTTTTTGGAGTATTCTTTAAAAACGTACGAAATTTATCCAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt2261_Genome_Tile_rc|1
TACCAGAATCTGGTGGACCATAAAAGCACATACAATTTCTTTTTGGAGTATTCTTTAAAA

>HPV107_Beta_126131393_nt2321_Genome_Tile_rc|1
TTGCAAAGGAAAGTACTCTTCCTTTCAATACATTTATTAAGGACATAGTAAACATAGATT
>HPV107_Beta_126131393_nt2341_Genome_Tile_rc|1
CCAAAAGTGGCTTCTGGAGTTTGCAAAGGAAAGTACTCTTCCTTTCAATACATTTATTAA
>HPV107_Beta_126131393_nt2421_Genome_Tile_rc|1
AAAAATGTATCAATATAATTCCAGCATTCTTGTGTAGCATCATCTAGCAAAGCAAGCTTA
>HPV107_Beta_126131393_nt2481_Genome_Tile_rc|1
TGTAACGGAGCCCTGTGTTTAATGTCTAAAGATACATAATTACCATCTACACCATTTCTT
>HPV107_Beta_126131393_nt2501_Genome_Tile_rc|1
TTAATGGAGGAAATTTGATCTGTAAACGGAGCCCTGTGTTTAATGTCTAAAGATACATAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TTCTAGTATGTAGATACCTGTACTTTTCCTCCTTTAGTATATTCATATTTGTGGTAATCA
>HPV107_Beta_126131393_nt2581_Genome_Tile_rc|1
TGGGAATTCAAAAAATTCTATTCTAGTATGTAGATACCTGTACTTTTCCTCCTTTAGTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt2601_Genome_Tile_rc|1
TTATCAAATGGAAATTTGTTTGGGAATTCAAAAATTCTATTCTAGTATGTAGATACCTG
>HPV107_Beta_126131393_nt2621_Genome_Tile_rc|1
GAAATTGTGGCTTGTATTATTATCAAATGGAAATTTGTTTGGGAATTCAAAAATTCTA
>HPV107_Beta_126131393_nt2901_Genome_Tile_rc|1
AAGTTGCAAGACTTGGGACTGGTTGATATCCAGTCGCAAAATACCATTTTCGCCTAGCAA
>HPV107_Beta_126131393_nt3001_Genome_Tile_rc|1
CTAGTTTGCACCAAACCTCCATGTTTCCTCGGCATATTTGGAGTTCTGCAAACCTTTGTAAC
>HPV107_Beta_126131393_nt3101_Genome_Tile_rc|1
GTATATCATACGATTTTCAGGATCTCCATCAAACACCACTTCAATAGTCTGTGGTTCCTT
>HPV107_Beta_126131393_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TGTCTCTGTATTCTGAAAATAAATCCAGTTCCTACTGTGTATATCATACGATTTTCAG
>HPV107_Beta_126131393_nt3161_Genome_Tile_rc|1
TCCTTTAACTTTTGGCCATATGTCCTCTGTATTCTGAAAATAAATCCAGTTCCTACTGT
>HPV107_Beta_126131393_nt3181_Genome_Tile_rc|1
GCACCCTCATAGTCCACATGTCCTTTAACTTTTTGCCATATGTCCTCTGTATTCTGAAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt3201_Genome_Tile_rc|1
GTGTGCCTTCCATGTAAAAGGCACCCTCATAGTCCACATGTCCTTTAACTTTTTGCCATA
>HPV107_Beta_126131393_nt3221_Genome_Tile_rc|1
CTTTATATAATAATGTTTGTGTGTGCCTTCCATGTAAAAGGCACCCTCATAGTCCACATG
>HPV107_Beta_126131393_nt3241_Genome_Tile_rc|1
CTGTTAGCATCATTTTCAAACCTTTATATAATAATGTTTGTGTGTGCCTTCCATGTAAAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt3921_Genome_Tile_rc|1
GCTTTTTTGCGTGCTCTAAAGCGATAGCATTTAAGCTGGTTTGCTTCCCCCTCTTAACAAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt3961_Genome_Tile_rc|1
CAGGACCAGGTACTACTAAAATACTTATAGTTTCCTTTGTGCTTTTTTGCGTGCTCTAAAG
>HPV107_Beta_126131393_nt3981_Genome_Tile_rc|1
CATTACTATGTTCCCTATCCAGGACCAGGTACTACTAAAATACTTATAGTTTCCTTTGT
>HPV107_Beta_126131393_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ACATTTACGTTGGTGTGTGGATGTAAACTAACTAACATTCGGGCTCTACCTATTCTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TAATTTCATAGTATCTAAAAACATTTACGTTGGTGTGTGGATGTAAACTAACTAACAT
>HPV107_Beta_126131393_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AGCTGTCAAAATTCCTATATGACCAGTCTACACCTTGTGGTAATTTTCATAGTATCTAAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt4121_Genome_Tile_rc|1
GCAAAAAGGTTAGTATTATAAGCTGTCAAAATTCCTATATGACCAGTCTACACCTTGTGG
>HPV107_Beta_126131393_nt4141_Genome_Tile_rc|1
CTAGGCAGCAGTTAAAAATAGCAAAAAGGTTAGTATTATAAGCTGTCAAAATTCCTATAT
>HPV107_Beta_126131393_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CCATGTTAGTATGTTAGTAGCTAGGCAGCAGTTAAAAATAGCAAAAAGGTTAGTATTATA
>HPV107_Beta_126131393_nt4181_Genome_Tile_rc|1

TTTAGTTCTGCGCGCACGCGCCATGTTAGTATGTTAGTAGCTAGGCAGCAGTTAAAAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt4621_Genome_Tile_rc|1
GTTACAACAGGTGTGTCTATTTCTGTATCTGGCACAGGAACAGGATGCACTTCTGCAATA
>HPV107_Beta_126131393_nt4681_Genome_Tile_rc|1
GTGCGTATTGGGGGGCTGGGGTCTGCCACCTCTAGGACAGCAGAGGAACCTCGACCGCCT
>HPV107_Beta_126131393_nt4701_Genome_Tile_rc|1
ACTGGGTACGTGACACACGTGTGCGTATTGGGGGGCTGGGGTCTGCCACCTCTAGGACAG
>HPV107_Beta_126131393_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GGTGTAGATTTCGGATATTATCTGAAAGGATGGATTGTGATACTGGGTACGTGACACACGT
>HPV107_Beta_126131393_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CACTAACACTTGGTCTGACAGGGATGCCTCACCAGCAATAGGTGTAGATTTCGGATATTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt4821_Genome_Tile_rc|1
CCCGAATCCCACCGATTGTTTGTCTCCAGTATTTTCAAACACTAACACTTGGTCTGACA
>HPV107_Beta_126131393_nt4861_Genome_Tile_rc|1
AAACTATACCTAGAAGGTAAGGGTTGCAATTCAATTTCTTCCGAATCCCACCGATTGTT
>HPV107_Beta_126131393_nt4961_Genome_Tile_rc|1
GCGCCTATTATACAGGGCTCTTCGAATGGAGGAAAGCGCTTGCCTACCTCTTCAATAGG
>HPV107_Beta_126131393_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GGGGTTTCGGAATATAGAGGCCTACCTAACTTGGCAACATCCAAAAATTGCCTGTCAGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TGACCCGTATATAGCCTTGTGGGGTTTCGGAATATAGAGGCCTACCTAACTTGGCAACAT
>HPV107_Beta_126131393_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GGCTCTGTTGCCTAATCTACTGACCCGTATATAGCCTTGTGGGGTTTCGGAATATAGAGG
>HPV107_Beta_126131393_nt5221_Genome_Tile_rc|1
CCGCTTCTGGTTCGTAAAGAGGCTCTGTTGCCTAATCTACTGACCCGTATATAGCCTTGT
>HPV107_Beta_126131393_nt5261_Genome_Tile_rc|1
AACATCTTTATAAAAGTGTACTTGTGCCCTACTTGTGCACCGCTTCTGGTTCGTAAAGA
>HPV107_Beta_126131393_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GGCCCTTGGATAATACTGGTGTCTCCTGAATGTTCCCCCAGTAATTGTAGTTCAATAGGA
>HPV107_Beta_126131393_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AGTATCCCTTACATTAATATCCACCAGTGACTTTCAACAGGCCCTTGGATAATACTGGT
>HPV107_Beta_126131393_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GAACCTTCAAGCAATTCTGGAGTATCCCTTACATTAATATCCACCAGTGACTTTCAACA
>HPV107_Beta_126131393_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GATCCTGAGAGTTAAATTCAGAACTTTCAAGCAATTCTGGAGTATCCCTTACATTAATAT
>HPV107_Beta_126131393_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TATAGCATCATCAATAAGTAGATCCTGAGAGTTAAATTCAGAACTTTCAAGCAATTCTGG
>HPV107_Beta_126131393_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GACAGAAGTGGTAGACCGTCTAGGGTTGCCAAACACTAGCTGTGACCCACTAAAATCCTC
>HPV107_Beta_126131393_nt5521_Genome_Tile_rc|1
GAACTAAATCTGGGTACAGTGACAGAAGTGGTAGACCGTCTAGGGTTGCCAAACACTAGC
>HPV107_Beta_126131393_nt5541_Genome_Tile_rc|1
ATAAAGTAGTTCCCTTGGAGAATAAATCTGGGTACAGTGACAGAAGTGGTAGACCGTC
>HPV107_Beta_126131393_nt5681_Genome_Tile_rc|1
ATGGGGATGTAAATAGTAATCAGCACCTGATTCCCCAAAATGGATAACAACCTGCAGGAAT
>HPV107_Beta_126131393_nt5701_Genome_Tile_rc|1
TTGCGCTTGCCTGCTGTAAATGGGGATGTAAATAGTAATCAGCACCTGATTCCCCAAAA
>HPV107_Beta_126131393_nt5861_Genome_Tile_rc|1
TTAATAATCTGTCACTAGTGGCGTGATAAAATATATTGGTCCGCTCCACGTACTCATCGG
>HPV107_Beta_126131393_nt6161_Genome_Tile_rc|1
GTCTATCATCTGTTGAACTGTTTTGATAGCTATTTGTATTTTCAGTGTCTTTACCTTAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6301_Genome_Tile_rc|1
TTTTAATTCAATGGGCGGACATTTACCTTGTGTTGGTCACCAGCATCATCGCATGGCAGTGC
>HPV107_Beta_126131393_nt6321_Genome_Tile_rc|1
CCATCTTCTATAAAAGAATTTTTTAATTCAATGGGCGGACATTTACCTTGTGTTGGTCACCA

>HPV107_Beta_126131393_nt6361_Genome_Tile_rc|1
CTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATATCTATCATATCCCCATCTTCTATAAAAGAATT
>HPV107_Beta_126131393_nt6381_Genome_Tile_rc|1
GATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCCAAACCCAATATCTATCATATCC
>HPV107_Beta_126131393_nt6401_Genome_Tile_rc|1
CTAAATCTAAACTAACATCTGATTTGTTTACTGATAATGTCTTGTTATTTATATTGCCAA
>HPV107_Beta_126131393_nt6561_Genome_Tile_rc|1
TGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCATCACCCACAGCTCCTCCTCTAGTGAAATAATGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6581_Genome_Tile_rc|1
CTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGGTATAGCATCACCCACAGCTC
>HPV107_Beta_126131393_nt6601_Genome_Tile_rc|1
GGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCTTGATTAGTTGTTGTATCAGG
>HPV107_Beta_126131393_nt6621_Genome_Tile_rc|1
GAATTACCCAAAGGACTTTGGGATTGTCCACTCTTAGGTGCTATATAGTATTTGTGATCT
>HPV107_Beta_126131393_nt6661_Genome_Tile_rc|1
AGAAGAACTAAGGAGCCACTAACGGTGGGATAGTAAATAGAATTACCCAAAGGACTTTG
>HPV107_Beta_126131393_nt6701_Genome_Tile_rc|1
CACGTTTCAACCAGAAGGGTCTGTAAAGAGCTGTGCATCAGAAGAACTAAGGAGCCAC
>HPV107_Beta_126131393_nt6841_Genome_Tile_rc|1
CCTGATATTATTGGCATCATATTCTGTAAGGGGTCCATTTTGACTAGGCACACTTATAGT
>HPV107_Beta_126131393_nt6881_Genome_Tile_rc|1
TTACAGATATTTGATATTCCTCAACATGCCCTTAAAAATTCCTGATATTATTGGCATCAT
>HPV107_Beta_126131393_nt6941_Genome_Tile_rc|1
TCATAGCATTAATTTGGGCTAACACATCTGGTTGTAAAGACACTTTACAAAGTTGCAGTA
>HPV107_Beta_126131393_nt7181_Genome_Tile_rc|1
GTAGTGTTGTTTGAATAGGAATTTACGTCCTAAAGGATACTGATCTAAATCCAAAGATA
>HPV107_Beta_126131393_nt7301_Genome_Tile_rc|1
CATACCACTTTAGTTAGAATACTTGTTTATTTGAGAGGGACCGATTTTCGGTCAAGTACGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0001_Genome_Tile_rc|1
TCTGGTCATATTTTTTTTTATGATTTAATGATAGTTGCCAACAATCAGTGTATATCCTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0021_Genome_Tile_rc|1
AGCTATTTATATATACCTCTTCTGGTCATATTTTTTTTTATGATTTAATGATAGTTGCCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0041_Genome_Tile_rc|1
CTAAAGTTTACGAACGTCTCAGCTATTTATATATACCTCTTCTGGTCATATTTTTTTTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TGTCTTCTTCCATCTGCATCCTAAAGTTTACGAACGTCTCAGCTATTTATATATACCTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0081_Genome_Tile_rc|1
AGCCACTGTTGTTGGAAACCTGTCTTCTTCCATCTGCATCCTAAAGTTTACGAACGTCTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0101_Genome_Tile_rc|1
TCAAATTCAGAGCAATAATCAGCCACTGTTGTTGGAAACCTGTCTTCTTCCATCTGCATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0121_Genome_Tile_rc|1
TAAGATCTTTTAAAGGAATATCAAATTCAGAGCAATAATCAGCCACTGTTGTTGGAAACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0181_Genome_Tile_rc|1
TATAAAATGCAGCCAACCTGCTGTTTCAGTTAAGTAAAATCTACAAAATACACATTTTAACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0261_Genome_Tile_rc|1
AAATTTAGCAGTAAGTCTAAGACACGGAGTACAACAAGCAAAGCAATAACGGTTTTTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TGAAAATAGTTTTTCAGCTTCAAATTTAGCAGTAAGTCTAAGACACGGAGTACAACAAGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0301_Genome_Tile_rc|1
CTTCTCCTTTACACATACACTGAAAATAGTTTTTCAGCTTCAAATTTAGCAGTAAGTCTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0321_Genome_Tile_rc|1
ACGAGTTAGAACTTCTAATACTTCTCCTTTACACATACACTGAAAATAGTTTTTCAGCTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0341_Genome_Tile_rc|1
GAAAGAGAACTCAAAGGAATACGAGTTAGAACCTTCTAATACTTCTCCTTTACACATACAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0361_Genome_Tile_rc|1

GGCAATCAAAACAGCGTACAGAAAGAGAACTCAAAGGAATACGAGTTAGAACTTCTAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TGCAAAAGATAACAATGTAAGGCAATCAAAACAGCGTACAGAAAGAGAACTCAAAGGAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0401_Genome_Tile_rc|1
ATTATACAATCTATTTTTTCTGCAAAAGATAACAATGTAAGGCAATCAAAACAGCGTACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0421_Genome_Tile_rc|1
GATAAAAGTTTTGACCACTAATTATACAATCTATTTTTTCTGCAAAAGATAACAATGTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0481_Genome_Tile_rc|1
TGATTACCAATCATTCTCAATGCAATTTCTACAATATGATCTCCAGCGACCCCTTACAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0501_Genome_Tile_rc|1
CAAGGTTATTAACATTAGGCTGATTACCAATCATTCTCAATGCAATTTCTACAATATGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0521_Genome_Tile_rc|1
CAACTCCTCCAAATTTACATCAAGGTTATTAACATTAGGCTGATTACCAATCATTCTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0541_Genome_Tile_rc|1
AAAAGACTGACAGGTAAAACCAACTCCTCCAAATTTACATCAAGGTTATTAACATTAGGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0561_Genome_Tile_rc|1
GTGACAACTCCTCATCAGCTAAAAGACTGACAGGTAAAACCAACTCCTCCAAATTTACAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0581_Genome_Tile_rc|1
CTCCTCAGGATCACCATCGGGTGACAACCTCCTCATCAGCTAAAAGACTGACAGGTAAAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0661_Genome_Tile_rc|1
GGAGTAGCAATAATAGTAAATCTAACACCTGCTCCACAAGGTTTGCAACAGGTGTCTATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0681_Genome_Tile_rc|1
GAAGAGTTATTACAGCAGAAGGAGTAGCAATAATAGTAAATCTAACACCTGCTCCACAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt0701_Genome_Tile_rc|1
TTCTTGAAAGCAATAGTTGACGAAGAGTTATTACAGCAGAAGGAGTAGCAATAATAGTAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0741_Genome_Tile_rc|1
GAAAAAGGGATCTGGAGCACCTCAAACAGGTCAGGAACACTTCTTGAAAGCAATAGTTGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0801_Genome_Tile_rc|1
TTCGCTATGCCCTCATTTAATTCAAGAGAATTAATACCTTTATTAGGATCTGCCATGTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt0821_Genome_Tile_rc|1
GCTTCTGTCACAACATAACCATTTCGCTATGCCCTCATTTAATTCAAGAGAATTAATACCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt0841_Genome_Tile_rc|1
CCAACTATTAATACACTCAGCTTCTGTGTCACAACATAACCATTTCGCTATGCCCTCATTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0861_Genome_Tile_rc|1
AAATAGCTCTTCCATTGTATCCAACTATTAATACACTCAGCTTCTGTGTCACAACATACCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt0961_Genome_Tile_rc|1
CTGTTAAGTGTTCATTGTAGAGTGCCAGGGAATTTCCCTCCTCCAGTTCCCTCGGAATCGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1021_Genome_Tile_rc|1
TTTTCAAAGGTGTTTTAGTTAACTTTTCGTTTTAGCGCTAAAATAGCTCTATTGCAATCCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1041_Genome_Tile_rc|1
AGCAACCGTTCTGTCTGGCTTTTCAAAGGTGTTTTAGTTAACTTTTCGTTTTAGCGCTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1081_Genome_Tile_rc|1
GAGGTGAAATGTGACAGCTTCCAACCTTGGAAGTTAGGTCAGCAACCGTTCTGTCTGGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt1101_Genome_Tile_rc|1
TCTCCTTTTGCTTTGTCTCTGAGGTGAAATGTGACAGCTTCCAACCTTGGAAGTTAGGTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt1181_Genome_Tile_rc|1
CTCTCTAAAGAGTTTCGAACTACCTTTTTTCAATAGAATTTGTAGCTTCATCTTCTCCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1201_Genome_Tile_rc|1
CCAAGGTCCCACTTTCATTACTCTCTAAAGAGTTCGAACTACCTTTTTTTCAATAGAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1241_Genome_Tile_rc|1
TTTCTATTAGTACTGCGAAATATACTGTCCGTTTCCACAACCAAGGTCCCACTTTCATTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1281_Genome_Tile_rc|1
TACACCAAAGTATTCTTTAAATTTAGCCAATAAAGTGGCTTTTCTATTAGTACTGCGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1301_Genome_Tile_rc|1
CGCGTTAAATCTCCATATGCTACACCAAAGTATTCTTTAAATTTAGCCAATAAAGTGGCT

>HPV60_Gamma_9628566_nt1321_Genome_Tile_rc|1
ATCTATCACTTTTAAACGGTCGCGTTAAATCTCCATATGCTACACCAAAGTATTCTTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1381_Genome_Tile_rc|1
AAGCTTCTATTACTTCTTCTGTCAGCGGCACACACACTTATAACCCAGTTTTCACAACATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1421_Genome_Tile_rc|1
ACCTGTAAAAAATCACAAATGTTGCTGCATAACTGTTTTTGAAGCTTCTATTACTTCTTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CATAAAACCCATATGAAATAACCTGTAAAAAATCACAATGTTGCTGCATAACTGTTTTTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1461_Genome_Tile_rc|1
AAATTTTACCAAATATAAAGCATAAAACCCATATGAAATAACCTGTAAAAAATCACAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TCTCTACTTTTTGCTGTTTTTAAATTTTACCAAATATAAAGCATAAAACCCATATGAAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1501_Genome_Tile_rc|1
AAAATAATTTCAATTATAGTATCTCTACTTTTTGCTGTTTTTAAATTTTACCAAATATAAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1541_Genome_Tile_rc|1
TCACACATTAATTGTTGTTCTTGTACATTCAATGTTAAAGAAAATAATTTCAATTATAGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1601_Genome_Tile_rc|1
TTTCCAAATGACCTTCTATAAAAATAAAGAGCTGTTGGGGTACTTCTAGATTTTGGTGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1661_Genome_Tile_rc|1
TGGTCTAACATAGTTAATTTTGCTAACCAATCTGGAAACGGTCCATAAATAAACGATGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1681_Genome_Tile_rc|1
CTGAGCTCGCGGCGGATTTCATGGTCTAACATAGTTAATTTTGCTAACCAATCTGGAAACG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1701_Genome_Tile_rc|1
TTGAGCAAGTTCAAACCTGTTCTGAGCTCGCGGCGGATTTCATGGTCTAACATAGTTAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1721_Genome_Tile_rc|1
TCATAAGCAAATTGAATCATTTGAGCAAAGTTCAAACCTGTTCTGAGCTCGCGGCGGATTCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt1741_Genome_Tile_rc|1
ATTCAGTTGTCAAGTTATTGTCATAAGCAAATTGAATCATTTGAGCAAAGTTCAAACCTGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1761_Genome_Tile_rc|1
ATATTTTATAAGCTATTTTCAGATTTCAGTTGTCAAGTTATTGTCATAAGCAAATTGAATCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1781_Genome_Tile_rc|1
TCAGAATCAGCTAACAAATGCATATTTATAAGCTATTTTCAGATTTCAGTTGTCAAGTTATTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt1881_Genome_Tile_rc|1
ATCTTTTCATTTCTTGTCTTTTATAATATCTTAACATTGCATAGCAGTCTCGTACATATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt1921_Genome_Tile_rc|1
AATCATCGCAACATTTCCATATCCACTCAGAAATTGACATATCTTTTCATTTCTTGTCTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2001_Genome_Tile_rc|1
TGCACATAAAAAATGAAATGAAATTAACCTTCTTGATAACGTAAAAATTGTGCTATTAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2021_Genome_Tile_rc|1
CCTTTAAACAATGTCTTTAATGCACATAAAAAATGAAATGAAATTAACCTTCTTGATAACGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2061_Genome_Tile_rc|1
TGGAGGTCCCCAAAACACTAAACAATTTCTTTTTGGAATACCTTTAAACAATGTCTTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2121_Genome_Tile_rc|1
TACCACTTTTCCCTGCATAAACCGTGTAAGTGAAGAACAATATAAGACTTTCCTGTATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2141_Genome_Tile_rc|1
CTGTGTCTATTTCATGAAAGATACCACTTTTCCCTGCATAAACCGTGTAAGTGAAGAACAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2161_Genome_Tile_rc|1
AAGGTTGTAGCCAAAATTGACTGTGTCTATTTCATGAAAGATACCACTTTTCCCTGCATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2181_Genome_Tile_rc|1
TCCAAGCTTACAATCTTGTAAGGTTGTAGCCAAAATTGACTGTGTCTATTTCATGAAAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2221_Genome_Tile_rc|1
CCATGTATTGCCAACATTGAAATGTAGCATCATCTAAGAATCCAAGCTTACAATCTTGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2341_Genome_Tile_rc|1
CATTTTCAACATCAACATTGGTAGTTATTAATAAAGGAGGTAATTTTATTTGTAAAGGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2361_Genome_Tile_rc|1

TAAATACATTAAGCTAGCTTCATTTTCAACATCAACATTGGTAGTTATTAATAAAGGAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2381_Genome_Tile_rc|1
AAAAATACTAGTCTACTCTTTAAATACATTAAGCTAGCTTCATTTTCAACATCAACATTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2421_Genome_Tile_rc|1
TTCATCATTTTCTTTTAAAGGTAATTTGTTAGGAACTTAAAAATACTAGTCTACTCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2441_Genome_Tile_rc|1
TCAGTAATTTTCATAAAGTACTTCATCATTTTCTTTTAAAGGTAATTTGTTAGGAACTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2461_Genome_Tile_rc|1
AAAAACATTTCCATGATGCATCAGTAATTTTCATAAAGTACTTCATCATTTTCTTTTAAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2481_Genome_Tile_rc|1
ATGGCTTGCAAATTTGATAAAAAAACATTTCCATGATGCATCAGTAATTTTCATAAAGTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2521_Genome_Tile_rc|1
CTGATTCATGCTGCTCGTCTCCTCTGGCTGTCAGCTCTAAATGGCTTGCAAATTTGATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2541_Genome_Tile_rc|1
GAACGCTCGGTCAGATCGGCCTGATTCATGCTGCTCGTCTCCTCTGGCTGTCAGCTCTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TTTGTTCCTGCAGTGCATCGGAACGCTCGGTCAGATCGGCCTGATTCATGCTGCTCGTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2581_Genome_Tile_rc|1
TTGCTCATATAGATTTCAGTATTTGTTCCCTGCAGTGCATCGGAACGCTCGGTCAGATCGGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2621_Genome_Tile_rc|1
AATCCCAATATTGTATTTGGGCCTGAATGTCCTTTGAATCTTGCTCATATAGATTTCAGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2641_Genome_Tile_rc|1
GACATATAGTTTCTATTTAAATCCCAATATTGTATTTGGGCCTGAATGTCCTTTGAATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2681_Genome_Tile_rc|1
CCAAATGCGAATAGCCTTCTTTTCTTGCCATAATAGTATGTGACATATAGTTTCTATTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2721_Genome_Tile_rc|1
TTGTACTCTGATACTTGCAAAGCTGGTAAGGGTTGAAGACCCAAATGCGAATAGCCTTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2741_Genome_Tile_rc|1
TTTCGATTGCCCTGCTTGGCTTTGTACTCTGATACTTGCAAAGCTGGTAAGGGTTGAAGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ACTGGTTAATAACAATCCCATTTTCGATTGCCTGCTTGGCTTTGTACTCTGATACTTGCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2781_Genome_Tile_rc|1
GCATATTGGGATTTGCTTAAACTGGTTAATAACAATCCCATTTTCGATTGCCCTGCTTGGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt2801_Genome_Tile_rc|1
TTAAACCCCATAGTTCTGAAGCATATTGGGATTTGCTTAAACTGGTTAATAACAATCCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2841_Genome_Tile_rc|1
TTTCTTGGAGGGGTTAATAACAATTCGCACTTGTATCTGTTAAACCCCATAGTTCTGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2861_Genome_Tile_rc|1
ATCCCTTCTTTTAAATGTATTTCTTGGAGGGGTTAATAACAATTCGCACTTGTATCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt2881_Genome_Tile_rc|1
AAACCACACATTTACAGTATATCCCTTCTTTTAAATGTATTTCTTGGAGGGGTTAATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2901_Genome_Tile_rc|1
GTATTATTTTCATTATTATCAAACCACACATTTACAGTATATCCCTTCTTTTAAATGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt2981_Genome_Tile_rc|1
AGTCCACCTCTCCTCTGGTCCTGTGCCATTGTTCAATATCATCCTGATAGTAAATATATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3001_Genome_Tile_rc|1
TGTGAAATAAAGTCCATTATAGTCCACCTCTCCTCTGGTCCTGTGCCATTGTTCAATATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3061_Genome_Tile_rc|1
TGAATATGTTTGTGCATCACTATCAAATAGGAGAAAATATGCTCTATTTCCATTATTTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TAATTTGGTTTTTATAATGCACTGTCCATGTCCAGTTTGTGAATATGTTTGTGCATCAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3181_Genome_Tile_rc|1
GAAGAAGTGGGGTTGCTGCCCCGGCTTTGGAAGTGTAGTCGTCGGAGGATTGTTTTGAGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3261_Genome_Tile_rc|1
CTCGGCGACGTGGTAGAGCTAGAGACTCCCTCTTGTGAGGTCTGTCTCCGTCGGTAGTA

>HPV60_Gamma_9628566_nt3321_Genome_Tile_rc|1
TCTCTGGAGGATAGTTCTCTTTGTTGCTCGTTGGATCTTCGGCGTCGTAATCGAACAGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3341_Genome_Tile_rc|1
GTCTTTTGGTACGGGGCGACTCTCTGGAGGATAGTTCTCTTTGTTGCTCGTTGGATCTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3361_Genome_Tile_rc|1
GACTTCGTCGGGTACTCTGCGTCTTTTGGTACGGGGCGACTCTCTGGAGGATAGTTCTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3401_Genome_Tile_rc|1
CTTCAGCAGTTGGGGCAGACCCACGGCACTCTGTCGGTCGACTTCGTCGGGTACTCTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3481_Genome_Tile_rc|1
AGGATCCCGAGCTTCTCCTTGAAGTCTTGCAAGTCTTGATATACCGCTTCTAGGAAGAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3501_Genome_Tile_rc|1
CCTTTAATTAGCAGGATTGGAGGATCCCGAGCTTCTCCTTGAAGTCTTGCAAGTCTTGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3521_Genome_Tile_rc|1
ATTTAAGGGAGTTTGCTAGACCTTTAATTAGCAGGATTGGAGGATCCCGAGCTTCTCCTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3541_Genome_Tile_rc|1
TTTCAATCGATATCTCCAACATTTAAGGGAGTTTGCTAGACCTTTAATTAGCAGGATTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3561_Genome_Tile_rc|1
TTAAAATAACGTGTATACTTTTTCAATCGATATCTCCAACATTTAAGGGAGTTTGCTAGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3581_Genome_Tile_rc|1
TAAATACTGTACTCATACATTTAAAATAACGTGTATACTTTTTCAATCGATATCTCCAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3601_Genome_Tile_rc|1
TACGTCTATGTCTACCCATCTAAATACTGTACTCATACATTTAAAATAACGTGTATACTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TTATGTCTAGAAGATTCTGGTACGTCTATGTCTACCCATCTAAATACTGTACTCATACAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CATTA AAAACA ACTAACAATTTATGTCTAGAAGATTCTGGTACGTCTATGTCTACCCATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt3661_Genome_Tile_rc|1
AACATCTCGTTGTGTGGTATCATTA AAAACA ACTAACAATTTATGTCTAGAAGATTCTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3681_Genome_Tile_rc|1
AAAGTTACTAATTTTCAAAAACATCTCGTTGTGTGGTATCATTA AAAACA ACTAACAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3721_Genome_Tile_rc|1
AGAGTTTAATGTTCCAAATGTATATGTACAACCTCTTGGCAAAGTTACTAATTTTCAAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3761_Genome_Tile_rc|1
ACTCTAGCATACATTTTGT TTTGT TTTTACAAATATTACAAAGAGTTTAATGTTCCAAATG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3781_Genome_Tile_rc|1
AGTCTCTTTTAACACGCTTTACTCTAGCATACATTTTGT TTTGT TTTTACAAATATTACAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TTTATATAAGTTTTC AACAGAGTCTCTTTTAACACGCTTTACTCTAGCATACATTTTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TCAGCACCAAGTTGACATTGTTTATATAAGTTTTC AACAGAGTCTCTTTTAACACGCTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TTCGTACATCAGGAGGGCAGTCAGCACCAAGTTGACATTGTTTATATAAGTTTTC AACAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TGTAATAATCGATCTGCAAGTGTGGTTCTTCTACTTTATTTTCGTACATCAGGAGGGCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt3901_Genome_Tile_rc|1
ATAAGATACTTCCAAATATTTGTAATAATCGATCTGCAAGTGTGGTTCTTCTACTTTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3941_Genome_Tile_rc|1
CCCGATCCTTTACCTGTCCCTATACCCAAATTC CCGAGGTATAAGATACTTCCAAATATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3961_Genome_Tile_rc|1
GTGTATAGCCTGTAGCACCCCGATCCTTTACCTGTCCCTATACCCAAATTC CCGAGGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt3981_Genome_Tile_rc|1
CACTCTTGCAGTACCAAGAGGTGTATAGCCTGTAGCACCCCGATCCTTTACCTGTCCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4021_Genome_Tile_rc|1
GTCGTGTGGGTTTATAACTGTTCCAGGTGTAGACGCTGGCACTCTTGCAGTACCAAGAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt4061_Genome_Tile_rc|1

GGAATTCCAGAACCTATTGGATCTAAAGGAACCGAAAACGGTCGTGTGGGTTTTATAACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TATAATGTCCACAGGTAACCGACCTCCTACAGGTTGCGATGGAATTCCAGAACCTATTGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ATAGAGGAAGCACTGGCATCTATAATGTCCACAGGTAACCGACCTCCTACAGGTTGCGAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GGACCTCCTGCAAGGGTATAATAGAGGAAGCACTGGCATCTATAATGTCCACAGGTAACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4161_Genome_Tile_rc|1
TATAATGGTGGTCTCTGGCAGGACCTCCTGCAAGGGTATAATAGAGGAAGCACTGGCATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TTTCACTTGCAACCAATCCAGGACCGCTGTCACCGCCTACTATAATGGTGGTCTCTGGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TGGTTCTGAAACTATATCAATTTCACTTGCAACCAATCCAGGACCGCTGTCACCGCCTAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4241_Genome_Tile_rc|1
ACACCGACCACATCTGGTCTTGGTTCTGAAACTATATCAATTTCACTTGCAACCAATCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4261_Genome_Tile_rc|1
ATACTGTTGGTTGAGTATCAACACCGACCACATCTGGTCTTGGTTCTGAAACTATATCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4281_Genome_Tile_rc|1
TGTATTATCAATGGAGGTATATACTGTTGGTTGAGTATCAACACCGACCACATCTGGTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4301_Genome_Tile_rc|1
GTAATGTCTAATGTAGCAACTGTATTATCAATGGAGGTATATACTGTTGGTTGAGTATCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4341_Genome_Tile_rc|1
AGGGTCTAATATTATTTTCTTCACTGGTGGTGTAGCTGGTGTAAATGTCTAATGTAGCAAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4361_Genome_Tile_rc|1
CCTTCAGAACCTGAACCTATAGGGTCTAATATTATTTTCTTCACTGGTGGTGTAGCTGGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4381_Genome_Tile_rc|1
AAAATGTTATTGCTGCAGCACCTTCAGAACCTGAACCTATAGGGTCTAATATTATTTTCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4401_Genome_Tile_rc|1
ATCTGCAGCACTTATATCTGAAAATGTTATTGCTGCAGCACCTTCAGAACCTGAACCTAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4421_Genome_Tile_rc|1
GGATCAACAAATACATTTAAATCTGCAGCACTTATATCTGAAAATGTTATTGCTGCAGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TTCTATCTCCTGCTCCCTGAGGATCAACAAATACATTTAAATCTGCAGCACTTATATCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt4461_Genome_Tile_rc|1
TATTTCTTCTCCAAAACCTTATTCTATCTCCTGCTCCCTGAGGATCAACAAATACATTTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4621_Genome_Tile_rc|1
GTCCTAAGAAGTCAATATTTTGTGTTGGCTGTTGCTGCACAAATCTATTATATAATTCCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4761_Genome_Tile_rc|1
TCGTCCTAATTCCCTGACATCTGCAAAATCCTGGTCTGGCGCTGCAGCCACCTCTTGCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4781_Genome_Tile_rc|1
GATGTTTCTGAAAACCGAGCTCGTCCTAATCCCCTGACATCTGCAAAATCCTGGTCTGGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4801_Genome_Tile_rc|1
TGACTCGTATTGTTCCCTGCAGATGTTTCTGAAAACCGAGCTCGTCCTAATCCCCTGACAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4861_Genome_Tile_rc|1
CTTTCTGACCAATAGTTAGTCCACTTCGTGTTTTATTGTTCCCTTTTGTTCCTAATCTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt4881_Genome_Tile_rc|1
AATATCAAAATAAAAGTGAACCTTCTGACCAATAGTTAGTCCACTTCGTGTTTTATTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4921_Genome_Tile_rc|1
ATGTTCTTAGTTGTATGGTTTCTGCAGCTGGAATATCACTAATATCAAAATAAAAGTGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt4941_Genome_Tile_rc|1
ATCGTGGGAAGACTCGCCTAATGTTCTTAGTTGTATGGTTTCTGCAGCTGGAATATCACT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4961_Genome_Tile_rc|1
ATATTATCTACTGCAGAAAAATCGTGGGAAGACTCGCCTAATGTTCTTAGTTGTATGGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt4981_Genome_Tile_rc|1
TAATATATGTACTTTCAGTAATATTATCTACTGCAGAAAAATCGTGGGAAGACTCGCCTA

>HPV60_Gamma_9628566_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TAAATTCATCCTCTAGTATATTGTCAGGTATTAGGCCTTCATTTGTAGTTTCAGTTAAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5061_Genome_Tile_rc|1
TGCATTATTAAAGTTTTCTGTAAATTCATCCTCTAGTATATTGTCAGGTATTAGGCCTTC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5081_Genome_Tile_rc|1
ATTGTTGCAAAATATCAGCTGTGCATTATTAAAGTTTTCTGTAAATTCATCCTCTAGTATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5101_Genome_Tile_rc|1
TCATAGATTCTCCTTCATCTATTGTTGCAAAATATCAGCTGTGCATTATTAAAGTTTTCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5121_Genome_Tile_rc|1
TGGAGGAATTGTGGGCATGATCATAGATTCTCCTTCATCTATTGTTGCAAAATATCAGCTG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5141_Genome_Tile_rc|1
AATAACTTTAAAGCTACACCTGGAGGAATTGTGGGCATGATCATAGATTCTCCTTCATCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5201_Genome_Tile_rc|1
ATAGTCCACTCAGAAGAAGGATGAACCACATTTAACACGCTTGACAGCTATTTCTGGAATA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AGCAGGCTGAATAATTTTCATCTGGAACATTAGGAATCAAAATAGTCCACTCAGAAGAAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TCATAAACATCTACTGCCATAGCAGGCTGAATAATTTTCATCTGGAACATTAGGAATCAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GAGGATGTAAATAAAAGTCATCATAAACATCTACTGCCATAGCAGGCTGAATAATTTTCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TTTGCGTCGCCCTAAGAAGATGAGGATGTAAATAAAAGTCATCATAAACATCTACTGCCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5401_Genome_Tile_rc|1
TACACGAGCAACAGGCTTGCTTGGTGGAAGATACAATTGTCCAGCTGTCTGCAACCAAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt5441_Genome_Tile_rc|1
AAACTAAATTTGTTGGCTGTACATATTCATCCGTACTGAGTACACGAGCAACAGGCTTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TGTCTATAATATCAAATAAAGGGTGTCTACAATTAGCATTTCTGTAGTTCCTGTATGAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5521_Genome_Tile_rc|1
AGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAATAAAGGGTGTCTACAATTAGCAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5541_Genome_Tile_rc|1
TTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCACTGTCTATAATATCAAATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5561_Genome_Tile_rc|1
GTCGCATAACTCTAAACTGATTTCCACTACATTTAGGTACAGTAATATTATTTGAACCAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5601_Genome_Tile_rc|1
CTGTCTATCATTTGCAAATTTGTTTGGATCTGGAAATAGTAGTCGCATAACTCTAAACTGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5661_Genome_Tile_rc|1
CCAATTTCAAGGCCTTCCAATCTCCAGACTAATCTCTCTCTTTCTGGGTAAAGACAGCT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5761_Genome_Tile_rc|1
ATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTCTGTATCTCCATATTTATTAAATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5781_Genome_Tile_rc|1
TCCATTCTATTGTCATCACCATTATTCTGCTTTAAAGGATATGCGGCAGGATTTTCTGTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5841_Genome_Tile_rc|1
CCAGTGGCTGGTTTACATCCTACAATAAACAATTGCATTTGTTTTGGATCCATTGAAACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt5861_Genome_Tile_rc|1
TAGCAATATCCCAGTGTTTACCAGTGGCTGGTTTACATCCTACAATAAACAATTGCATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5881_Genome_Tile_rc|1
TGGAGCAGGATCACAAGGTTTAGCAATATCCCAGTGTTTACCAGTGGCTGGTTTACATCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt5921_Genome_Tile_rc|1
TAGACTGTGTTAATTTAATTGGGGACAGGATCCTTTTGCTGGAGCAGGATCACAAGGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt5941_Genome_Tile_rc|1
CATTTTCAACGCTCCTGAATTATAGACTGTGTTAATTTAATTGGGGGACAGGATCCTTTTGC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6021_Genome_Tile_rc|1
TCATTGGTAATATCTAGAGGAACACCTGATTTATCTTCTTGCAAGGTAATAAAATTTGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6061_Genome_Tile_rc|1

ATCTTTTGTCAATTTTGTAGTAAATCAGGATATTTACAAATTTTCATTGGTAATATCTAGAGG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6141_Genome_Tile_rc|1
TCTATCCCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGGAATAAATTTGTTACGTTTACCAAAGAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6161_Genome_Tile_rc|1
AATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTACAAAATAATGCCTGGAATAAATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6181_Genome_Tile_rc|1
TGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCATCTATCCCTCCTCTTACAAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6201_Genome_Tile_rc|1
TTTTGAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAGAATCTGGCAAACCTATCTCCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6221_Genome_Tile_rc|1
AACTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGTGGTGCTAAGTAATATCCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6241_Genome_Tile_rc|1
ACCACTTGGTGTAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTATTTTGTAGGTTTATCAGTTTGT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6261_Genome_Tile_rc|1
TTATCACTAGAAGCTACAGAACCACCTGGTGTAGGGAAGTAACCTATAACCACCAAGGTTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6381_Genome_Tile_rc|1
ATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATAGTAATGAATAATTGGTTACCCCAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6401_Genome_Tile_rc|1
CATCTTGTGTGTAACCTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCGAGTATTATCTACTATAGTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6421_Genome_Tile_rc|1
ATATCTGTTATCAATAGCAGCATCTTGTGTGTAACCTGAAATAGATAAATTAGTATTTTCG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6481_Genome_Tile_rc|1
CTCTACTTCATATTCCTTCAGTATGGCGTAAATACTGTCTAAAATCTTCCTGTTTATATTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6501_Genome_Tile_rc|1
TTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCCTTCAGTATGGCGTAAATACTGTCTA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6521_Genome_Tile_rc|1
CATCTGGATTCAAAGGCACTTTACAGAGTCTCAGAATTAACCTCTACTTCATATTCCTTCAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6541_Genome_Tile_rc|1
TACATTTAAATGAGCTAGAACATCTGGATTCAAAGGCACTTTACAGAGTCTCAGAATTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6741_Genome_Tile_rc|1
GATAATTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTCCAAAATGTATACTGTTTATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6761_Genome_Tile_rc|1
TTTTTCCAAGAGAAAACCTGGGATAATTCGTTAGAAAAACGTTCTTGCAAATCTATTGTCC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6821_Genome_Tile_rc|1
TTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTCGTCCGTTAAGTAAGCCATACTGATATAAATATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6841_Genome_Tile_rc|1
CACAGTTTTTGGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGACCGTTTTTCGTCCGTTAAGTAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt6861_Genome_Tile_rc|1
TATTTAGTTCTTTTACGTTTTCACAGTTTTTGGATTTCTTCGTTACAAAACCTACTAGCAGAC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6881_Genome_Tile_rc|1
ATATAATATATATATGTATTTATTTAGTTCTTTTACGTTTTCACAGTTTTTGGATTTCTTCG
>HPV60_Gamma_9628566_nt6901_Genome_Tile_rc|1
TAATATATCCTTCATTAATCATATAATATATATATGTATTTATTTAGTTCTTTTACGTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6921_Genome_Tile_rc|1
ACAACAGCAGCATTATTAATTAATATATCCTTCATTAATCATATAATATATATATGTATT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6941_Genome_Tile_rc|1
ATTTATTAATCCTTCATTTTACAACAGCAGCATTATTAATTAATATATCCTTCATTAATC
>HPV60_Gamma_9628566_nt6961_Genome_Tile_rc|1
CAGACACTTGCTGATGTGCAATTTATTAATCCTTCATTTTACAACAGCAGCATTATTAAT
>HPV60_Gamma_9628566_nt6981_Genome_Tile_rc|1
AAAATGTAGACCCCGTGAGTCAGACACTTGCTGATGTGCAATTTATTAATCCTTCATTTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt7001_Genome_Tile_rc|1
TTATGAAGGCGCGGTAGACAAAAATGTAGACCCCGTGAGTCAGACACTTGCTGATGTGCA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7021_Genome_Tile_rc|1
GATATGCAATGCCAAGATAATTATGAAGGCGCGGTAGACAAAAATGTAGACCCCGTGAGT

>HPV60_Gamma_9628566_nt7041_Genome_Tile_rc|1
TGATTGTTTCTTATAGTCTCGATATGCAATGCCAAGATAATTATGAAGGCGCGGTAGACA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7061_Genome_Tile_rc|1
AAATCCGAGAGTGTGCCAAGTGATTGTTTCTTATAGTCTCGATATGCAATGCCAAGATAA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7101_Genome_Tile_rc|1
TTAACCAGTTACGGTTGGTAAGTGTCCAGCAATGCTTGTTAAATCCGAGAGTGTGCCAAG
>HPV60_Gamma_9628566_nt7121_Genome_Tile_rc|1
TTCCCCCTTTGGCGCTCTTTTTTAACCAGTTACGGTTGGTAAGTGTCCAGCAATGCTTGTT
>HPV60_Gamma_9628566_nt7201_Genome_Tile_rc|1
AAGAGAGTGAGTCAAACTTTGTATGAACATGTACTTACCTGGAAAACGTTCTTCAGGA
>HPV60_Gamma_9628566_nt7221_Genome_Tile_rc|1
AACGGAAATGGTTTCTAACAAAGAGAGTGAGTCAAACTTTGTATGAACATGTACTTACC
>HPV60_Gamma_9628566_nt7241_Genome_Tile_rc|1
GGTCTGGCGCATATCCACAGAACGGAAATGGTTTCTAACAAAGAGAGTGAGTCAAACTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0001_Genome_Tile_rc|1
ACCGTAGTCGGTTGTCACGTCTCTATGTCTAATAATTGTTGGCAACTATTATTAGATAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0021_Genome_Tile_rc|1
TGATCAGCTCTTTTATATGCACCGTAGTCGGTTGTCACGTCTCTATGTCTAATAATTGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0041_Genome_Tile_rc|1
AGTCTCCTTCAAATCTGTGCTGATCAGCTCTTTTATATGCACCGTAGTCGGTTGTCACGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TAGCTCTCTGAGGCTCCATCAGTCTCCTTCAAATCTGTGCTGATCAGCTCTTTTATATGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0081_Genome_Tile_rc|1
GCAATAGTCCACCAAATTTTTAGCTCTCTGAGGCTCCATCAGTCTCCTTCAAATCTGTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0101_Genome_Tile_rc|1
AAACTAATCTGTTGTTGCTTGCAATAGTCCACCAAATTTTTAGCTCTCTGAGGCTCCATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0121_Genome_Tile_rc|1
ACTGTAGCTCTAATTCAAAAAAATAATCTGTTGTTGCTTGCAATAGTCCACCAAATTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0141_Genome_Tile_rc|1
AACAAATTTACAAAACAAGCACTGTAGCTCTAATTCAAAAAAATAATCTGTTGTTGCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GCTAAGTCAGGCAAAGTAATAACAAATTTACAAAACAAGCACTGTAGCTCTAATTCAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0181_Genome_Tile_rc|1
ACTTTTTTACAATGAAAGCTAGCTAAGTCAGGCAAAGTAATAACAAATTTACAAAACAAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0201_Genome_Tile_rc|1
ATCTCTATAAACAAGAGCTAACTTTTTACAATGAAAGCTAGCTAAGTCAGGCAAAGTAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0241_Genome_Tile_rc|1
ACAATCTTAAGCATTTAGCGCACGCAGCAAAAGCAATACCATCTCTATAAACAAGAGCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0261_Genome_Tile_rc|1
CTCATTTTCAAAGATAGCAGACAATCTTAAGCATTTAGCGCACGCAGCAAAAGCAATACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0281_Genome_Tile_rc|1
ATAGAGCAAGTATAATATCTCTCATTTTCAAAGATAGCAGACAATCTTAAGCATTTAGCG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0301_Genome_Tile_rc|1
CAGATAGCAAGTAAGCTTTTATAGAGCAAGTATAATATCTCTCATTTTCAAAGATAGCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0321_Genome_Tile_rc|1
CAAAGGTCTACCAATCAAATCAGATAGCAAGTAAGCTTTTATAGAGCAAGTATAATATCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CAGCGAATTGCGATTTCACCTCAAAGGTCTACCAATCAAATCAGATAGCAAGTAAGCTTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0381_Genome_Tile_rc|1
GTACTTTTCAATATAATCCAACAAACACATACAATTTTCACAGCGAATTGCGATTTCACCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0401_Genome_Tile_rc|1
CCACCGTGACAAATACAATCGTACTTTTCAATATAATCCAACAAACACATACAATTTTCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0421_Genome_Tile_rc|1
CTCTAACTAAATGAAAATAACCACCGTGACAAATACAATCGTACTTTTCAATATAATCCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0441_Genome_Tile_rc|1

ACAACAGCCCCCTCCAATTACCTCTAACTAAATGAAAATAACCACCGTGACAAATACAATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TCATGTTTCGTAAACAATTTCTACAACAGCCCCCTCCAATTACCTCTAACTAAATGAAAATAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0541_Genome_Tile_rc|1
AATAGATTTCGTCTACTAAGCAAATTCACAGGCAAAACAAGCTCTTCTAAAACAATATCAGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0561_Genome_Tile_rc|1
TCTGCTATGTCATCAGTTTCAATAGATTTCGTCTACTAAGCAAATTCACAGGCAAAACAAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0581_Genome_Tile_rc|1
TGAATGGTGACCTTTCAGATTCTGCTATGTCATCAGTTTCAATAGATTTCGTCTACTAAGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt0601_Genome_Tile_rc|1
CTTACACGTAGAAATCAATCTTGAATGGTGACCTTTCAGATTCTGCTATGTCATCAGTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0621_Genome_Tile_rc|1
CTAACGCGACAATGACAATGCTTACACGTAGAAATCAATCTTGAATGGTGACCTTTCAGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0641_Genome_Tile_rc|1
CGGTGGCGACACAACACAGTCTAACGCGACAATGACAATGCTTACACGTAGAAATCAATCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0761_Genome_Tile_rc|1
ATTAGAATTATTATCTGTACCTTTAAGTTCTGCCATTTTCGTAGCAATCTTTGGAGCACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0821_Genome_Tile_rc|1
CTGAAAAGAATCATCATCACAGACAGCTTCATTATCAAACAACCTCATTAATAATTTCTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0881_Genome_Tile_rc|1
TTCAGAGTCATCTATTAAATTAGAGATAGTAGATTTCATCCGTACTTTTCATCAAACAATTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0901_Genome_Tile_rc|1
GAATTCCCCCTGCACAACGTTTTTCAGAGTCATCTATTAAATTAGAGATAGTAGATTTCATCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt0921_Genome_Tile_rc|1
GTGCATTTAGTAATGCATGGGAATTCCCCTGCACAACGTTTTTCAGAGTCATCTATTAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt0961_Genome_Tile_rc|1
TTTACTGTAAACCAGGTCTTTGTCTATATTCCTCTGAAAGCTGTGCATTTAGTAATGCATGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt0981_Genome_Tile_rc|1
GGGTGGCATAAACTTTTCGTTTTACTGTAAACCAGGTCTTTGTCTATATTCCTCTGAAAGCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1001_Genome_Tile_rc|1
ATCAGAGGCGAGCTTTTCCGGGGTGGCATAAACTTTTCGTTTTACTGTAAACCAGGTCTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1021_Genome_Tile_rc|1
GCTGAAAGTCTCGGACTCAAATCAGAGGCGAGCTTTTCCGGGGTGGCATAAACTTTTCGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1161_Genome_Tile_rc|1
CCGCATCAGCGCCATTTTTGTTTCCCGCCACATTTCGAACATATCATCCTGTACCTGAACAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1181_Genome_Tile_rc|1
ATGAAGCAACGAATACAACCTCCGCATCAGCGCCATTTTTGTTTCCCGCCACATTTCGAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1221_Genome_Tile_rc|1
CTTTAAACTTACAAAGCAAAGCAGCTCTACGATTATTGCTATGAAGCAACGAATACAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1281_Genome_Tile_rc|1
TACAACCTCTTATTACTTTTAAAAGTTCTAGTAATTTTCATTAAATGGAATGCCATATTTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1301_Genome_Tile_rc|1
TACAATAATCCAATTTTGTGTACAACCTTATTACTTTTAAAAGTTCTAGTAATTTTCATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1321_Genome_Tile_rc|1
TCTTCTGCACAGGCAAAACTACAATAATCCAATTTTGTGTACAACCTTATTACTTTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TTTTAGAAAGCTTCAATTAAATCTTCTGCACAGGCAAAACTACAATAATCCAATTTTGTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1361_Genome_Tile_rc|1
AACATGATTTTGCATCGTGGTTTTAGAAGCTTCAATTAAATCTTCTGCACAGGCAAAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1381_Genome_Tile_rc|1
GTAATCATTTGTAAATAGGAAACATGATTTTGCATCGTGGTTTTAGAAGCTTCAATTAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1421_Genome_Tile_rc|1
AGCCTTAAAGCAAATAATATACAAAGCTGAAAAATCAGAAGTAATCATTTGTAAATAGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1441_Genome_Tile_rc|1
ACAGTCTCTCTGCTCTTAGCAGCCTTAAAGCAAATAATATACAAAGCTGAAAAATCAGAA

>HPV50_Gamma_9628550_nt1461_Genome_Tile_rc|1
AGCTATTAATCAATTTAACAACAGTCTCTCTGCTCTTAGCAGCCTTAAAGCAAATAATAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TTCTCTCTTTGTATTTAGCAAGCTATTAATCAATTTAACAACAGTCTCTCTGCTCTTAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1501_Genome_Tile_rc|1
GGAGGATCACATAGTACTTGTTCCTCTTTTGTATTTAGCAAGCTATTAATCAATTTAACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1521_Genome_Tile_rc|1
CAGCCATACTTTTTATTTTAGGAGGATCACATAGTACTTGTTCCTCTTTTGTATTTAGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1541_Genome_Tile_rc|1
TTTATAGCAATATAATGCTGCAGCCATACTTTTTATTTTAGGAGGATCACATAGTACTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1561_Genome_Tile_rc|1
CAGGTATCTGCTATTACCTTTTTATAGCAATATAATGCTGCAGCCATACTTTTTATTTTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1581_Genome_Tile_rc|1
GAAAGTCTCCATATTTATAACAGGTATCTGCTATTACCTTTTTATAGCAATATAATGCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1601_Genome_Tile_rc|1
ATGTGTGGCTATCCAGTCAGGAAAGTCTCCATATTTATAACAGGTATCTGCTATTACCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1621_Genome_Tile_rc|1
AGCTGATGATTTATAACAGTATGTGTGGCTATCCAGTCAGGAAAGTCTCCATATTTATAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1641_Genome_Tile_rc|1
TAAAGCTGTCTGCAGTTGCTAGCTGATTTATAACAGTATGTGTGGCTATCCAGTCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1721_Genome_Tile_rc|1
ATAGCACGCATAATTGTAAGCAATTGCAGCTTCATCCAGCATATCATTATCGTATGCCCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt1741_Genome_Tile_rc|1
GCATTTTTCATTTTCACTTGCATAGCACGCATAATTGTAAGCAATTGCAGCTTCATCCAGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt1761_Genome_Tile_rc|1
TAGTTTGTA AAAATGCAGCTGCATTTTCATTTTCACTTGCATAGCACGCATAATTGTAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1821_Genome_Tile_rc|1
CTTGCTTTTTGTATAACCTGACCATTGCACAACATTCCTTAACATACTTTAATTGACTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1841_Genome_Tile_rc|1
CATAGTCATATTCCTCATTTCTTGCTTTTGTATAACCTGACCATTGCACAACATTCCTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt1861_Genome_Tile_rc|1
CATGATTTAATCCATTCTGGCATAGTCATATTCCTCATTTCTTGCTTTTGTATAACCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt1921_Genome_Tile_rc|1
TGATATTTTAAATATCTTACAATAACTTTCCAATCATCAGAATTATAATTATTTGTGAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2001_Genome_Tile_rc|1
AAATAACTAAGCACATTTTTTTTAGGTATGCCTTTTAAAAGTAACTTTAAAGCTAACAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CATGAAGGATACAACTTTTCTCTCATAACTGAATAAATTGATAACAAAAGTATGACTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2101_Genome_Tile_rc|1
CAAAAATGACTATTTTTGTTTCATGAAGGATACAACTTTTCTCTCATAACTGAATAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2121_Genome_Tile_rc|1
AATCTAATAAAGGCATTAACCAAAAATGACTATTTTTGTTTCATGAAGGATACAACTTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2141_Genome_Tile_rc|1
ATCTAAAAATCCTATTTTTGAATCTAATAAAGGCATTAACCAAAAATGACTATTTTTGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2161_Genome_Tile_rc|1
CAACAACATTGAGTTGCATCATCTAAAAATCCTATTTTTGAATCTAATAAAGGCATTAAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2221_Genome_Tile_rc|1
ACATCAACAGAACTGCATTACCATCAAATGCATTTCTCATGTGTGTCCAAATACATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2261_Genome_Tile_rc|1
CATAGGTGGTAAAACATTTTGTGTGTAATTTTATGTTTCACATCAACAGAACTGCATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2281_Genome_Tile_rc|1
TCACAATTTGTTGTTATTAACATAGGTGGTAAAACATTTTGTGTGTAATTTTATGTTTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2301_Genome_Tile_rc|1
ACGTTGGATCTCTGCATACATCACAATTTGTTGTTATTAACATAGGTGGTAAAACATTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2321_Genome_Tile_rc|1

TCTACTCCTTAAGTACATAAACGTTGGATCTCTGCATACATCACAATTTGTTGTTATTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2341_Genome_Tile_rc|1
GGAAAGTTAAAACATGTTAATCTACTCCTTAAGTACATAAACGTTGGATCTCTGCATACA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2361_Genome_Tile_rc|1
CATACAATGGTAACTTATTTGGAAAGTTAAAACATGTTAATCTACTCCTTAAGTACATAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2381_Genome_Tile_rc|1
AAATTTTGGTTCTCCATTTTCATACAATGGTAACTTATTTGGAAAGTTAAAACATGTTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2401_Genome_Tile_rc|1
CAGCAATTATCAGTAAATTTAAATTTTGGTTCTCCATTTTCATACAATGGTAACTTATTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2421_Genome_Tile_rc|1
ACTTGCTAAAAAAGACGTCAGCAATTATCAGTAAATTTAAATTTTGGTTCTCCATTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2461_Genome_Tile_rc|1
CCATCTGGGTCATCTTCAGGTAAATCTAAGTGCTTCCAAAACCTTGCTAAAAAAGACGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TAGTCTATATGGTCTTTTAAATTTTTGAATCTTTTCAATCAGATTCAATTGAATGTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2581_Genome_Tile_rc|1
CTTTTCTCATAGATTCCCAATAGTCTATATGGTCTTTTAAATTTTTGAATCTTTTTCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2601_Genome_Tile_rc|1
ATAAAATGCAAGCACTTGTCTTTTCTCATAGATTCCCAATAGTCTATATGGTCTTTTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2621_Genome_Tile_rc|1
CTCATATTTCTTTTTTTTGCATAAAATGCAAGCACTTGTCTTTTCTCATAGATTCCCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2641_Genome_Tile_rc|1
GAGGTTGTAATCCAAGCCTGCTCATATTTTCTTTTTTTTGCATAAAATGCAAGCACTTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2661_Genome_Tile_rc|1
AGAAACCTTAGCAGGAGGAAGAGGTTGTAATCCAAGCCTGCTCATATTTTCTTTTTTTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2701_Genome_Tile_rc|1
AAAGTAATTGAATTCTAATTGCATCTTTTGCTTTTTTGCTCAGAAACCTTAGCAGGAGGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2741_Genome_Tile_rc|1
CATGGTTCAGACCCAAAATCAGACTTATACAAGGATTGCAAAAGTAATTGAATTCTAATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2761_Genome_Tile_rc|1
AACTACATTCTGATAAAGTCCATGGTTCAGACCCAAAATCAGACTTATACAAGGATTGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2781_Genome_Tile_rc|1
AGGTGCATTTAACATTTCTAAACTACATTCTGATAAAGTCCATGGTTCAGACCCAAAATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2801_Genome_Tile_rc|1
TTTTTAAACAATTTCTAGGAGGTGCATTTAACATTTCTAAACTACATTCTGATAAAGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt2821_Genome_Tile_rc|1
CAGTTACAGTAAACGGTTGTTTTTAAACAATTTCTAGGAGGTGCATTTAACATTTCTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2901_Genome_Tile_rc|1
TTTGTCTCTATCATCTTGATAATATATATATTCATAACATATATAAGGATACACATTTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2921_Genome_Tile_rc|1
AGACCTTTAACTTTATGCCATTTGTCTCTATCATCTTGATAATATATATATTCATAACAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt2961_Genome_Tile_rc|1
ACCAGTCACTTCTTTAAATAAAGGCCATTGTGATCCACTAGACCTTTAACTTTATGCCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt2981_Genome_Tile_rc|1
AGTTTAAAGTATACTGAATCACCAGTCACTTCTTTAAATAAAGGCCATTGTGATCCACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3001_Genome_Tile_rc|1
CAGTGGCATCAGGTTGAAAGAGTTTAAAGTATACTGAATCACCAGTCACTTCTTTAAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TCGTCAGCAGGCCCAAACGCACTCCTTGAGGAGCTAGTGACAGAGGAATGAATAGTTTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3121_Genome_Tile_rc|1
ATGTGGAAGGCCCGGGCTGTTTCGTCAGCAGGCCCAAACGCACTCCTTGAGGAGCTAGTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TGTCCTGTAGGGCTTTTGGTTGACCGCTTCCAGATCTTTCCTGTTGGCTCTTGTCGTACG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TGTCGAGGTGGGTGGTTCGGTGTCTGTAGGGCTTTTGGTTGACCGCTTCCAGATCTTTC

>HPV50_Gamma_9628550_nt3221_Genome_Tile_rc|1
CGTCGAAGTCGTACTGTTGATGTGTCGAGGTGGGTGGTTCGGTGTCTGTAGGGCTTTTGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3241_Genome_Tile_rc|1
GTTCTCTTTCTCGTCGTCTCGTCGAAGTCGTACTGTTGATGTGTCGAGGTGGGTGGTTCGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3281_Genome_Tile_rc|1
CCCAATTCTGATTGTGACTTTCTGTGTCTGTAGGAATGGTGTCTCTTTCTCGTCGTCTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3301_Genome_Tile_rc|1
GAGTTGGCGCAGAGTCGGCTCCCAATTCTGATTGTGACTTTCTGTGTCTGTAGGAATGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3361_Genome_Tile_rc|1
GTCTAAGTCTTGACAGACCATGCGCTGCAACTGTGTGAGATCTTCTTCCCACTTCTTCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3441_Genome_Tile_rc|1
CCTATACCTCCAACATTTAAGATTATTCTGTTGACCTGTAATAATTAGGACTGGTGGATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt3481_Genome_Tile_rc|1
AGCTACAACACTCATAGAGATCTGCATATTTTTGTGAGAACCTATACCTCCAACATTTAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3501_Genome_Tile_rc|1
GCCCCAACCACTTCCATGCAGAGCTACAACACTCATAGAGATCTGCATATTTTTGTGAGAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3521_Genome_Tile_rc|1
CTGTATCCCTCTGATTTTGGGCCCAACCACTTCCATGCAGAGCTACAACACTCATAGAGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt3541_Genome_Tile_rc|1
TAAGCAATTTAGCATCACCCCTGTATCCCTCTGATTTTGGGCCCAACCACTTCCATGCAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3561_Genome_Tile_rc|1
TTCAGGATTTTTTAAAAGCAATAAGCAATTTAGCATCACCCCTGTATCCCTCTGATTTTGG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3581_Genome_Tile_rc|1
TTTTAAAAAGATAGCCTTTGTTTCAGGATTTTTTAAAAGCAATAAGCAATTTAGCATCACCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CATTATAGAGAGTCCAAATGTCCCATAGAGTACGTAGTATTTTTGGGTAATCCAACAGTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3841_Genome_Tile_rc|1
CTATAGCCAAAAGTACCCCCAGTTCCTCTTCCTGTTCCAATTCCCAAATGCCAAAGTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TTCCTGAGTTGGCCTTCCAGACCCAGGGGCCCAAAAGGTCTATAGCCAAAAGTACCCCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt3901_Genome_Tile_rc|1
TTTGGTCTTGCGATAGGTAGTTCCTGAGTTGGCCTTCCAGACCCAGGGGCCCAAAAGGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TGGTACAATAGGCGCTGGCCCTAATGGATCTATAACAACATTTGGTCTTGCGATAGGTAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt3981_Genome_Tile_rc|1
CTTCTACTAATGGAACATTGAAGCTGCAGAGGGATCTACTGGTACAATAGGCGCTGGCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4001_Genome_Tile_rc|1
AAATCCAACATCAGGGGCGCCTTCTACTAATGGAACATTGAAGCTGCAGAGGGATCTAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TGTTATAGTATATAATTCAATATCAGTTCCACCTGCTGCAGGTCCAGCATCTGGAGCTGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4081_Genome_Tile_rc|1
CCAACATCTGTTGTGGAATTTGTTATAGTATATAATTCAATATCAGTTCCACCTGCTGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TTCTTCGTTAGAGGTAACAGTGGGCCCCACCACCAACAGCACCAACATCTGTTGTGGAATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4141_Genome_Tile_rc|1
TCTATAACAGCTACTTCAAATTCCTCGTTAGAGGTAACAGTGGGCCCCACCACCAACAGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4181_Genome_Tile_rc|1
ATATAATAATTGCTTTGGATAGGGTGCAATTGGTTGTGCATCTATAACAGCTACTTCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4221_Genome_Tile_rc|1
GATTAATCTGTGTTTCAAAGTTGCTGTATAGTAGAGTCATATAAATTGCTTTGGAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TATGTCTGGATTTATGAAGGGATTAATCTGTGTTTCAAAGTTGCTGTCTATAGTAGAGTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4261_Genome_Tile_rc|1
ACTAATACATTAACATTATTTATGTCTGGATTTATGAAGGGATTAATCTGTGTTTCAAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4301_Genome_Tile_rc|1

AAAGTAGTCACCTACAGTGTCTCCTGCAAAGCTGGGGTCAACTAATACATTAACATTATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4321_Genome_Tile_rc|1
TCCAAAGGTATCTCTTCATAAAAGTAGTCACCTACAGTGTCTCCTGCAAAGCTGGGGTCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4341_Genome_Tile_rc|1
AGGTTTGAATATCTAAACGTTCCAAAGGTATCTCTTCATAAAAGTAGTCACCTACAGTGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TGGGTGGGCGTGCTTTCAGTAGGTGGCTCTAAAATGTCAAAGGTTTGAATATCTAAACGT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4401_Genome_Tile_rc|1
AAACAAACCTATTACCTAATTGGGTGGGCGTGCTTTCAGTAGGTGGCTCTAAAATGTCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TGCTGTGCAACAAATCGACTGTACAGATCTCTTGCCCTAGAAACAAACCTATTACCTAAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4481_Genome_Tile_rc|1
GCGGGAAGGTTGACTCAAAAAATCTGGCTCAGATATTGGCTGCTGTGCAACAAATCGACT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4501_Genome_Tile_rc|1
CTATATTCAAACTGAACAAGGCGGGAAGGTTGACTCAAAAAATCTGGCTCAGATATTGGC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4541_Genome_Tile_rc|1
CTCAAAGTATAGGCTCACATCTGGGTCAAAGGCGGGATTTCTATATTCAAACTGAACAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4621_Genome_Tile_rc|1
CTGGATACTCTTGGCCTGCCTAAATAAACTACATCAGCAAATTCCTGCAATGGCGCTGCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4641_Genome_Tile_rc|1
TTATTGTACCTTCTGAGGTGCTGGATACTCTTGGCCTGCCTAAATAAACTACATCAGCAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4661_Genome_Tile_rc|1
GGTACCTAATCTACTTACTCTTATTGTACCTTCTGAGGTGCTGGATACTCTTGGCCTGCC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4681_Genome_Tile_rc|1
CGTGTGTGTTAAAGCTGCTCTGGTACCTAATCTACTTACTCTTATTGTACCTTCTGAGGTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4701_Genome_Tile_rc|1
GTCCCACAGAAAGACCACTACGTGTTGTTAAAGCTGCTCTGGTACCTAATCTACTTACTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CATATAAAAGTGTTACCTGAGGTCCCACAGAAAGACCACTACGTGTTGTTAAAGCTGCTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GGAGGTATATCACTTAAATCCATATAAAAGTGTTACCTGAGGTCCCACAGAAAGACCACTA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TGGTGTAACGTTTAAATGTATGCAACTCTATAGAATCCTCTGGAGGTATATCACTTAAATC
>HPV50_Gamma_9628550_nt4801_Genome_Tile_rc|1
TCTACAATTGTACTTGTGTTGTGGTGTAACGTTTAAATGTATGCAACTCTATAGAATCCTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TAGTTGTTGCTAATATATCATCTACAATTGTACTTGTGTTGTGGTGTAACGTTTAAATGTAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GTTTGCAGGATCATCAAATGTAGTTGTTGCTAATATATCATCTACAATTGTACTTGTGTTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4861_Genome_Tile_rc|1
TTAAACTGTGTAAATAAGGAGTTTGCAGGATCATCAAATGTAGTTGTTGCTAATATATCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4881_Genome_Tile_rc|1
CGTCTGTTAATACATCTTCATTAAACTGTGTAAATAAGGAGTTTGCAGGATCATCAAATG
>HPV50_Gamma_9628550_nt4901_Genome_Tile_rc|1
TGTAATAATTATGTTCAACATCGTCTGTTAATACATCTTCATTAAACTGTGTAAATAAGGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4921_Genome_Tile_rc|1
GGTATAACTAAATGAGACTCTGTAAATTTATGTTCAACATCGTCTGTTAATACATCTTCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt4941_Genome_Tile_rc|1
CATTTTCTTCATCAGTAGCTGGTATAACTAAATGAGACTCTGTAAATTTATGTTCAACAT
>HPV50_Gamma_9628550_nt4961_Genome_Tile_rc|1
AATAATATTTATTGCTGTGTGCTTTTCTTCATCAGTAGCTGGTATAACTAAATGAGACTC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TAATGTAGTAGATATGTCACCTGAATTCATGCCCACAGTAAGAGGAATATTTCTTAAATT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TCTAAATATTATAATCTGATAATGTAGTAGATATGTCACCTGAATTCATGCCCACAGTA

>HPV50_Gamma_9628550_nt5061_Genome_Tile_rc|1
ATTTTACTATCAAGGATGCATCTAAAATATTATAATCTGATAATGTAGTAGATATGTCAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt5081_Genome_Tile_rc|1
GGGCTGTTTCAGAAACATTTGATTTTACTATCAAGGATGCATCTAAAATATTATAATCTGA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GAATAATCTAAAACAAAAAGGGCTGTTTCAGAAACATTTGATTTTACTATCAAGGATGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TCTTCTTTTTTGGAGAAGACCTGGATGTAAATCATAATCTGAATAATCTAAAACAAAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt5161_Genome_Tile_rc|1
AATTAAAAATAATCTATGCGTCTTCTTTTTTGGAGAAGACCTGGATGTAAATCATAATCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt5221_Genome_Tile_rc|1
GTACTTGGTGGAGGTATAACTTTCCAGAGGTTGAGGACCAATGAGCCATCTGTAAAATA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6721_Genome_Tile_rc|1
GCTTATCTGGTACGTTTTCTCTTGTGTTGGTTTGGAACTGTAGCAACAGTGTAATCAGTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6761_Genome_Tile_rc|1
AGTACAATATTCACAGTAAAGCCAAGAAAGCATGTCAGCAGCTTATCTGGTACGTTTTCT
>HPV50_Gamma_9628550_nt6781_Genome_Tile_rc|1
ATTCACAGTATAGAATTCACAGTACAATATTCACAGTAAAGCCAAGAAAGCATGTCAGCA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6801_Genome_Tile_rc|1
TCAAGACTCAGATCTAAAGCATTACAGTATAGAATTCACAGTACAATATTCACAGTAAA
>HPV50_Gamma_9628550_nt6821_Genome_Tile_rc|1
TTATTCATTTTGTGAAATGTTCAAGACTCAGATCTAAAGCATTACAGTATAGAATTCAC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6901_Genome_Tile_rc|1
AACATATTTTATACTACAAAGGGCGGGAGTAAATAACTCTGACTCAAAGACAACACACACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt6921_Genome_Tile_rc|1
ATGATTGATCACAGAGGTGCAACATATTTATACTACAAAGGGCGGGAGTAAATAACTCTG
>HPV50_Gamma_9628550_nt6941_Genome_Tile_rc|1
AGCACGTCCAGCTGGTCAACATGATTGATCACAGAGGTGCAACATATTTATACTACAAAG
>HPV50_Gamma_9628550_nt7041_Genome_Tile_rc|1
TATCTTTGTTAGCAAGTACCGACTTCGGTCGCTTTATATTCCCTAAAGGCATACAAACTT
>HPV50_Gamma_9628550_nt7081_Genome_Tile_rc|1
ACTGAGGTGACTCAGAGGTTTGTCTAACTCGTGAGATTTTATCTTTGTTAGCAAGTACC
>HPV50_Gamma_9628550_nt7101_Genome_Tile_rc|1
TACTTTCTTCTGCCAGCTGCACTGAGGTGACTCAGAGGTTTGTCTAACTCGTGAGATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0001_Genome_Tile_rc|1
TACTGTCTCGGTTCCCTAAGTTATTATGCACGATTGTTGCCAACAATTATTATGCGTCAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0021_Genome_Tile_rc|1
GTTTCAGCAGTATTTATATGATACTGTCTCGGTTCCCTAAGTTATTATGCACGATTGTTGCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TAGGAAATTGTGGCTCCATCAGCTTCTGAAGAAATCTACTGTTTCAGCAGTATTTATATGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0081_Genome_Tile_rc|1
GCAGTATGAATCCAAATCAGTAGGAAATGTGGCTCCATCAGCTTCTGAAGAAATCTACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0101_Genome_Tile_rc|1
AAGCTTATGTTAAAATATTTGCAGTATGAATCCAAATCAGTAGGAAATGTGGCTCCATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0121_Genome_Tile_rc|1
ACTTAAGAACTAAGTCAAAAAGCTTATGTTAAAATATTTGCAGTATGAATCCAAATCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0141_Genome_Tile_rc|1
AGAAAATTTACAAAAGATACACTTAAGAACTAAGTCAAAAAGCTTATGTTAAAATATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GCAAGATCAACAATAGATACAGAAAATTTACAAAAGATACACTTAAGAACTAAGTCAAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0181_Genome_Tile_rc|1
GTCGTTTGTATGAAAAGAAGCAAGATCAACAATAGATACAGAAAATTTACAAAAGATAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0201_Genome_Tile_rc|1
ATCTCTCCAAATTACAGACAGTCGTTTGTATGAAAAGAAGCAAGATCAACAATAGATAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0221_Genome_Tile_rc|1

CAACATGCAAATGGTGTATTATCTCTCCAAATTACAGACAGTCGTTTGTATGAAAAGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TTAATCTTAAACATTTAGTACAACATGCAAATGGTGTATTATCTCTCCAAATTACAGACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0261_Genome_Tile_rc|1
ATCTTTTTTCATATAATGCAGTTAATCTTAAACATTTAGTACAACATGCAAATGGTGTATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0281_Genome_Tile_rc|1
GCAGTACAGACAAAAAATTATCTTTTTTCATATAATGCAGTTAATCTTAAACATTTAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0301_Genome_Tile_rc|1
CAGTTAAACAAATGACTTTTTTGACGTACAGACAAAAAATTATCTTTTTTCATATAATGCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0361_Genome_Tile_rc|1
AAAATGAATAACAATGTTGGCACCTAATATTAATATCTGACAATTCTTTTTTAACTAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TCATGGCTGATACAATTTCTACAAACACCTCTCCAAGTCCCGCAATTAACAGAAAATCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0541_Genome_Tile_rc|1
CAATGACTCGTCAGAAATTAAGTTAGCAGGCAAAACAAGCTCTTCTAACTCTATGTCAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0561_Genome_Tile_rc|1
TCTGCAGTAGCATCTGGTGACAATGACTCGTCAGAAATTAAGTTAGCAGGCAAAACAAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0581_Genome_Tile_rc|1
GGTACGGACAAAACCTCCTCTGCAGTAGCATCTGGTGACAATGACTCGTCAGAAATTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0661_Genome_Tile_rc|1
AAAACAACGTATTCCAAATTCAGTTGCAGCGACTGTCACCCTTATGCGACAGCCACAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0681_Genome_Tile_rc|1
TCTTTTCAGTAACAGTTGCTCAAAACAACGTATTCCAAATTCAGTTGCAGCGACTGTCACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0701_Genome_Tile_rc|1
CAGGACAAAAATAACAAAGCTCTTTCAGTAACAGTTGCTCAAAACAACGTATTCCAAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0741_Genome_Tile_rc|1
CTTTATGATCTGCCATTGCGGGGAAGTTGTCTGGAGCACGCAGGACAAAAATAACAAAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0781_Genome_Tile_rc|1
GACCCATCTAAACATCATTATGATCAATATTATCAGTACCTTTATGATCTGCCATTGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0801_Genome_Tile_rc|1
CTTCAGTTATTAAACACCAAGACCCATCTAAACATCATTATGATCAATATTATCAGTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0821_Genome_Tile_rc|1
CGTATCGTCCTCACATTCAGCTTCAGTTATTAAACACCAAGACCCATCTAAACATCATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt0841_Genome_Tile_rc|1
TCCTCAAACAAATCCACTAACGTATCGTCCTCACATTCAGCTTCAGTTATTAAACACCAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0861_Genome_Tile_rc|1
CTACAGAGTCATTTGTGCTCTCCTCAAACAAATCCACTAACGTATCGTCCTCACATTCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt0881_Genome_Tile_rc|1
ATCGTCTAACAGATTGAAACTACAGAGTCATTTGTGCTCTCCTCAAACAAATCCACTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0901_Genome_Tile_rc|1
CCCTGAATTATACTTTCGGAATCGTCTAACAGATTCGAAACTACAGAGTCATTTGTGCTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0921_Genome_Tile_rc|1
GGTCACTTTCCTCAGAATTCCCCTGAATTATACTTTCGGAATCGTCTAACAGATTCGAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0941_Genome_Tile_rc|1
TTTTAGCTCCTGAATACAGCGGTCACTTTCCTCAGAATTCCCCTGAATTATACTTTCGGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt0961_Genome_Tile_rc|1
GGAGTAACATTTAACTTTCTTTTAGCTCCTGAATACAGCGGTCACTTTCCTCAGAATTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt0981_Genome_Tile_rc|1
GCTCTGAGATCTGTTTTTCAGGAGTAACATTTAACTTTCTTTTAGCTCCTGAATACAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TGCCGATAACCGCGGACTTAGCTCTGAGATCTGTTTTTCAGGAGTAACATTTAACTTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1021_Genome_Tile_rc|1
CTCTCAGGCGTTATATGCACTGCCGATAACCGCGGACTTAGCTCTGAGATCTGTTTTTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1041_Genome_Tile_rc|1
ACAGTCTCCGCTTAGATGCTCTCTCAGGCGTTATATGCACTGCCGATAACCGCGGACTTA

>HPV48_Gamma_9628542_nt1061_Genome_Tile_rc|1
AACAACTCCACTATCATTAACAGTCTCCGCTTAGATGCTCTCTCAGGCGTTATATGCAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1121_Genome_Tile_rc|1
CGCGTCTTTTTGCACCAACAGTGAATCTACCTGAATAGTATTACTTTTCAGCTTCATCTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1181_Genome_Tile_rc|1
TCTGATATTATTACTACGCAAATAGAATTAAGTTCACACTCAGCGCCATTTTGATTTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1201_Genome_Tile_rc|1
AATTTGCAAAGTACAGTAGCTCTGATATTATTACTACGCAAATAGAATTAAGTTCACAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1221_Genome_Tile_rc|1
AAACCCCAAAATTTATCTTTAAATTTGCAAAGTACAGTAGCTCTGATATTATTACTACGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1261_Genome_Tile_rc|1
GTCTTATCACTTTTAAACTTCTTGTAAGCTCATTAATGAAACCCCAAAATTTATCTTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1301_Genome_Tile_rc|1
TCTAATACCTATTGCTGTTATTACCCAATTTGGTGTACATGTCTTATCACTTTTAAACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1321_Genome_Tile_rc|1
CAAGCATCTCGTAAATCTTCTCTAATACCTATTGCTGTTATTACCCAATTTGGTGTACAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1341_Genome_Tile_rc|1
GTTGCTGTAATAAACTTTACAAGCATCTCGTAAATCTTCTCTAATACCTATTGCTGTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1361_Genome_Tile_rc|1
CATTTCTAAAACTCAACATGTTGCTGTAATAAACTTTACAAGCATCTCGTAAATCTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1381_Genome_Tile_rc|1
ACAGAAAAATCATTGCAAATCATTTCTAAAACTCAACATGTTGCTGTAATAAACTTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TAAATTCTACCAATAGTAGCACAGAAAAATCATTGCAAATCATTTCTAAAACTCAACAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TTCTCTATTTTTAGTTACCTTAAATTCTACCAATAGTAGCACAGAAAAATCATTGCAAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CACATTAACTTTAAACCGTTTCTCTATTTTTAGTTACCTTAAATTCTACCAATAGTAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1461_Genome_Tile_rc|1
CTTTAGCATTTAACATACTACACATTAACTTTAAACCGTTTCTCTATTTTTAGTTACCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TTCACACAAAATTTGTTCTTCTTTAGCATTTAACATACTACACATTAACTTTAAACCGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1501_Genome_Tile_rc|1
GTACTTTTCAATTTTGGCGGTTACACAAAAATTTGTTCTTCTTTAGCATTTAACATACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1521_Genome_Tile_rc|1
AGAAATATAAAGCTGCAGCTGTACTTTTCAATTTTGGCGGTTACACAAAAATTTGTTCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1541_Genome_Tile_rc|1
ATCAGTTATAATCTTCTTATAGAAATATAAAGCTGCAGCTGTACTTTTCAATTTTGGCGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt1561_Genome_Tile_rc|1
GTGCCATATTTAAACATGTATCAGTTATAATCTTCTTATAGAAATATAAAGCTGCAGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TACTAACCAGGAAGGCAAAGTGCCATATTTAAACATGTATCAGTTATAATCTTCTTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1601_Genome_Tile_rc|1
ATGTTCTACTATAGTTAATCTACTAACCAGGAAGGCAAAGTGCCATATTTAAACATGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt1641_Genome_Tile_rc|1
CCATTTTCAGATAATGAAAATGTGTCTGTCTGAAGCTAACTGATGTTCTACTATAGTTAATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1721_Genome_Tile_rc|1
TGTATTTTCTGTGGCATAACATGCATAATTATAAGCAACAGATGCTTCTTCAGTAAATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt1921_Genome_Tile_rc|1
AAAAAGTTTACTCCCTGATATTTTAAAACTGTACAATTTCTTTCCACTCTTCACCAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt1961_Genome_Tile_rc|1
AGTGCATTTAAAAAATTGTTTTAAAGCTATTAAAAATTCTAAAAAGTTTACTCCCTGATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CTGACTCGATTTGTTAATATAAGATACAACTTGACCTTTCAAAAATTGTACTAATTTAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2101_Genome_Tile_rc|1

TGTAATGGCATTAACCAAACTGACTCGATTGTGTTAATATAAGATACAACCTTGACCTTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2121_Genome_Tile_rc|1
ACAAACCAATTTTAGCATCTTGTAATGGCATTAACCAAACTGACTCGATTGTGTTAATAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2241_Genome_Tile_rc|1
GTGGAAGTTTGTCTGTTGCAGGTTTTATGTTTAATATCTAAACAAAACGTGTTACCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2261_Genome_Tile_rc|1
ATTAGTAGTTATTATCATAGGTGGAAGTTTTGTCTGTTGCAGGTTTTATGTTTAATATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2281_Genome_Tile_rc|1
TCATCAGTTGTTACATTAACATTAGTAGTTATTATCATAGGTGGAAGTTTTGTCTGTTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2301_Genome_Tile_rc|1
TTCTCAAATAAAATAGAGATTCATCAGTTGTTACATTAACATTAGTAGTTATTATCATAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2321_Genome_Tile_rc|1
ATTGAAACACGTAAGTCTACTTCTCAAATAAAATAGAGATTCATCAGTTGTTACATTAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2341_Genome_Tile_rc|1
ATTGGTAACTTATTCGGAATTTGAAACACGTAAGTCTACTTCTCAAATAAAATAGAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2361_Genome_Tile_rc|1
AAGGTTTCATCTTTGTCAGACATTGGTAACTTATTCGGAATTTGAAACACGTAAGTCTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2381_Genome_Tile_rc|1
TTTGTCTAGAAATGGTAAACAAAGGTTTCATCTTTGTCAGACATTGGTAACTTATTCGGAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2521_Genome_Tile_rc|1
CATAAGATTCTTTTCAATCAAAGTCAACTGAATTTCTTGCTGTCAGCAAAACGGGTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2541_Genome_Tile_rc|1
TGCTAAATGATCTTTAAGATCATAAGATTCTTTTCAATCAAAGTCAACTGAATTTCTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2561_Genome_Tile_rc|1
AATCTTACAGCTTTCCAGTATGCTAAATGATCTTTAAGATCATAAGATTCTTTTCAATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt2581_Genome_Tile_rc|1
AATAGGCAATAACATTTTCTAATCTTACAGCTTTCCAGTATGCTAAATGATCTTTAAGAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2601_Genome_Tile_rc|1
AATATGTTCTTTTCTAGCATAATAGGCAATAACATTTTCTAATCTTACAGCTTTCCAGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2641_Genome_Tile_rc|1
TTACAGCTAATGTTGGTAATGGCTGCAGACCTAATTTAGTAATATGTTCTTTTCTAGCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2701_Genome_Tile_rc|1
ATTTCAATAAACTTTGAATAAGCAGCTGTATATTAATTGCTTCTTTTCTTATATTCAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2741_Genome_Tile_rc|1
CTAGTTTCTGCAAGAGTCCATCTTTCCAAAGCAAACCTCTGATTTCAATAAACTTTGAATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2761_Genome_Tile_rc|1
AACTGTTTATAGTTTCTGCACTAGTTTCTGCAAGAGTCCATCTTTCCAAAGCAAACCTCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2781_Genome_Tile_rc|1
TTTGAAACAATTTCTGGGGGAAGTGTATAGTTTCTGCACTAGTTTCTGCAAGAGTCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2801_Genome_Tile_rc|1
TTTACAATGAAAGGTACTTTTTTGAACAATTTCTGGGGGAAGTGTATAGTTTCTGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2821_Genome_Tile_rc|1
CATCATTATCAAACCATACATTTACAATGAAAGGTACTTTTTTGAACAATTTCTGGGGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt2841_Genome_Tile_rc|1
ATAAGGAAAAGAATTTCTTTCATCATTATCAAACCATACATTTACAATGAAAGGTACTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2861_Genome_Tile_rc|1
TATATAAAATCCCAACAGGTATAAGGAAAAGAATTTCTTTCATCATTATCAAACCATACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2901_Genome_Tile_rc|1
CCCTTCAGTCTTGTGCCATTTGTTTGGTCATCTTGATAATATATAAAATCCCAACAGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2921_Genome_Tile_rc|1
CATCCATTATGATCAACCAGCCCTTCAGTCTTGTGCCATTTGTTTGGTCATCTTGATAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt2941_Genome_Tile_rc|1
CATTTAGATCTACATAATAACATCCATTATGATCAACCAGCCCTTCAGTCTTGTGCCATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt2961_Genome_Tile_rc|1
AGTAAAGTATACAAATCACCATTTAGATCTACATAATAACATCCATTATGATCAACCAG

>HPV48_Gamma_9628542_nt3101_Genome_Tile_rc|1
GTCGAGAGCCCCGACCCTGCTTTTCAGAAGAGGGATTTGTATTTCTCGAGGAGCTAGTAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3121_Genome_Tile_rc|1
GGCTCTCCGAGCTGCTGGAGGTCGAGAGCCCCGACCCTGCTTTTCAGAAGAGGGATTTGTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3161_Genome_Tile_rc|1
TCGGTGTTGGAGTTTTCTGAGATGCTCGGTCTCCTTCGAGGGCTCTCCGAGCTGCTGGAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3261_Genome_Tile_rc|1
CTTTGTTCCCTCGTCTTCTGGGTGTGGTGTTCGGTGGTTCCAGATTCTCTCGGTTCCTCGTCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3281_Genome_Tile_rc|1
GAGTCGGACCCCAATTTCTCTTTGTTCTTCGTCTTCTGGGTGTGGTGTTCGGTGGTTCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3361_Genome_Tile_rc|1
CCTGTAATCGTCCAAGTCGTGAGTAACCGTGTCTTGCAAGCGTTGTAGATCTTGATCCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3441_Genome_Tile_rc|1
TGTAGTACAGCGATTTCTCCAACATTTCAAATTATTTTGTGACCTGTAAATAACACTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3461_Genome_Tile_rc|1
AAAAATAAACTAGCATATTTTGTAGTACAGCGATTTCTCCAACATTTCAAATTATTTTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3481_Genome_Tile_rc|1
TCCAAACAGAGCTGAAGCATAAAAAATAAACTAGCATATTTTGTAGTACAGCGATTTCTCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3501_Genome_Tile_rc|1
AGAATTAGGACCAAGCCACTTCCAACAGAGCTGAAGCATAAAAAATAAACTAGCATATTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3521_Genome_Tile_rc|1
ACTTTTGCAGCACCCCCATCAGAATTAGGACCAAGCCACTTCCAACAGAGCTGAAGCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3541_Genome_Tile_rc|1
CACTTTTAAATGCAACTAACACTTTTGCAGCACCCCCATCAGAATTAGGACCAAGCCACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3561_Genome_Tile_rc|1
GAACACTTGCTTTTGGGCATCACTTTTAAATGCAACTAACACTTTTGCAGCACCCCCATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3581_Genome_Tile_rc|1
GGAATATGAACTGTGTTTAAAGAACTTGTCTTTGGGCATCACTTTTAAATGCAACTAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3641_Genome_Tile_rc|1
TCTTCTACGTAAGGACATTATAAACTGTCAAGTCTTCCCAGAGTTATAGTAGTTCCTTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3661_Genome_Tile_rc|1
TCAGTAGGACTTGCTCTTTTTCTTCTACGTAAGGACATTATAAACTGTCAAGTCTTCCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3681_Genome_Tile_rc|1
GCAAGCATGTTTTATAAAGATCAGTAGGACTTGCTCTTTTTCTTCTACGTAAGGACATTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3701_Genome_Tile_rc|1
AGGAATGCAGTCCCCCCTTGCAAGCATGTTTTATAAAGATCAGTAGGACTTGCTCTTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3821_Genome_Tile_rc|1
AAATGATCCCCCAGACCCTTTTCCAGATCCTATTCCCAAATTTCCAAAATATACCAAAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3841_Genome_Tile_rc|1
GATCCTAATGGTCTATATCCAAATGATCCCCCAGACCCTTTTCCAGATCCTATTCCCAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt3861_Genome_Tile_rc|1
CTGGTCTTCCACTTCCTGCGGATCCTAATGGTCTATATCCAAATGATCCCCCAGACCCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AGTCACTGGTAAGTCTGTGGCTGGTCTTCCACTTCCTGCGGATCCTAATGGTCTATATCC
>HPV48_Gamma_9628542_nt3901_Genome_Tile_rc|1
TCTATCACAACATTAGGTCTAGTCACTGGTAAGTCTGTGGCTGGTCTTCCACTTCCTGCG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TACTTTGAGGACCTATAGGTCTATCACAACATTAGGTCTAGTCACTGGTAAGTCTGTGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TCCAGGATCAATGGGTACTATACTTTGAGGACCTATAGGTCTATCACAACATTAGGTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3961_Genome_Tile_rc|1
AGAGGGACTATAGATGACGCTCCAGGATCAATGGGTACTATACTTTGAGGACCTATAGGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TATCAGGCCCTCCCTCAACAAGAGGGACTATAGATGACGCTCCAGGATCAATGGGTACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4001_Genome_Tile_rc|1

ATCTGGTGCAATAAAAGATATATCAGGCCCTCCCTCAACAAGAGGGACTATAGATGACGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CCTCCTATACCTGGACCTGCATCTGGTGCAATAAAAGATATATCAGGCCCTCCCTCAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4041_Genome_Tile_rc|1
TGAATAGTTCAATATCCTCACCTCCTATACCTGGACCTGCATCTGGTGCAATAAAAGATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4081_Genome_Tile_rc|1
CCACTAACACCACCTACATCAGTTGCTGGATCTCTAAAGGTGAATAGTTCAATATCCTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TAGAAATAGTAGTAGGACCTCCACTAACACCACCTACATCAGTTGCTGGATCTCTAAAGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4161_Genome_Tile_rc|1
ACTGTTTGGGAGTTGTGGCACTTGGTAAAGCATCTATTATAGCTGTCTCACTTTCTTCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4181_Genome_Tile_rc|1
TGTATAAGAATCATAAAACAACCTGTTTGGGAGTTGTGGCACTTGGTAAAGCATCTATTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TGTGTTTGCAAGATAGTTTGTGTATAAGAATCATAAAACAACCTGTTTGGGAGTTGTGGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TATTTAAAAATGGGTTTACCTGTGTTTGCAAGATAGTTTGTGTATAAGAATCATAAAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4241_Genome_Tile_rc|1
ATTAGTATCACTAATAGCATTATTTAAAAATGGGTTTACCTGTGTTTGCAGATAGTTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4261_Genome_Tile_rc|1
AATAATGGATCTACAAACACATTAGTATCACTAATAGCATTATTTAAAAATGGGTTTACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4281_Genome_Tile_rc|1
CCCCAATTGTCTCTCCTGCAAATAATGGATCTACAAACACATTAGTATCACTAATAGCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4301_Genome_Tile_rc|1
TATCTCTTCAAATATGTTGTCCCAATTGTCTCTCCTGCAAATAATGGATCTACAAACAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4321_Genome_Tile_rc|1
AAATTTAAATTTCTGCAAGGGTATCTCTTCAAATATGTTGTCCCAATTGTCTCTCCTGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4341_Genome_Tile_rc|1
TACTTTCCCGCGGAAAACCTGAAATTTAAATTTCTGCAAGGGTATCTCTCAAATATGTTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TGAGCTGGTGTTCGTAAACCCCTCCCAGGTTTAAACAGGTGTACTTTCCCGCGGAAAACCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4401_Genome_Tile_rc|1
TAAATCTACTGTAAGATCTTTGAGCTGGTGTTCGTAAACCCCTCCCAGGTTTAAACAGGTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4421_Genome_Tile_rc|1
TTGGATTGGGTACTGTTCCATAAATCTACTGTAAGATCTTTGAGCTGGTGTTCGTAAACC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TGACTAAGAAATTCCGGAGCTTGGATTGGGTACTGTTCCATAAATCTACTGTAAGATCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4461_Genome_Tile_rc|1
ACTGCACCAATCGAGAAGGCTGACTAAGAAATTCGGAGCTTGGATTGGGTACTGTTCCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4521_Genome_Tile_rc|1
TTACATCACGCTGGAACCTGTATACTAATATCTGGATCAAAGCGGGGATTTTCAAACCTCAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4541_Genome_Tile_rc|1
TGGCGCAGCCTCTAGGCTATTTACATCACGCTGGAACCTGTATACTAATATCTGGATCAAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4561_Genome_Tile_rc|1
ATGTCAGCAAAAGCTGGATTTGGCGCAGCCTCTAGGCTATTTACATCACGCTGGAACCTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4581_Genome_Tile_rc|1
GCGGCCTACTTAAATAAGCAATGTCAGCAAAAGCTGGATTTGGCGCAGCCTCTAGGCTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TTCTGATGTAGCAGACATGTGCGGCCTACTTAAATAAGCAATGTCAGCAAAAGCTGGATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4621_Genome_Tile_rc|1
CTGCTGACTCTGACTAATCCTTCTGATGTAGCAGACATGTGCGGCCTACTTAAATAAGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4641_Genome_Tile_rc|1
ATACTGCTCGAGATCCAATTCTGCTGACTCTGACTAATCCTTCTGATGTAGCAGACATGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4661_Genome_Tile_rc|1
TAATCCACTCCTGGTTTGTAATACTGCTCGAGATCCAATTCTGCTGACTCTGACTAATCC

>HPV48_Gamma_9628542_nt4681_Genome_Tile_rc|1
TGTACTTTAGGGCCTATAGTTAATCCACTCCTGGTTTGTAACTGCTCGAGATCCAATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4701_Genome_Tile_rc|1
CAGACAAATCCATATAATAATGTACTTTAGGGCCTATAGTTAATCCACTCCTGGTTTGTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4721_Genome_Tile_rc|1
TATAGCTTCTGTTGATATTGCAGACAAATCCATATAATAATGTACTTTAGGGCCTATAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt4741_Genome_Tile_rc|1
TCTGCAAAGGTTTGCAATTCTATAGCTTCTGTTGATATTGCAGACAAATCCATATAATAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4761_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTGAACATGTCCAGAATCTGCAAAGGTTTGCAATTCTATAGCTTCTGTTGATATTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TGATAAGAAATCATCAACTATTGTGTGAACATGTCCAGAATCTGCAAAGGTTTGCAATTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt4801_Genome_Tile_rc|1
GGATCATCTAAAGCAGTAACTGATAAGAAATCATCAACTATTGTGTGAACATGTCCAGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TTATATCAGCTATATTTGCTGGATCATCTAAAGCAGTAACTGATAAGAAATCATCAACTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt4921_Genome_Tile_rc|1
AGAGCAACTGTTTCTCCTTCCTCATCAACCCCTTGTACTGTAATATGTGAATTATTAAAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TAGTAATTGAAGGAATTGGAAGAGCAACTGTTTCTCCTTCCTCATCAACCCCTTGTACTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt4961_Genome_Tile_rc|1
AACAAAAGTTTTGGAAGAATTAGTAATTGAAGGAATTGGAAGAGCAACTGTTTCTCCTTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5001_Genome_Tile_rc|1
CTGTATCATTTGCAAACAGACCATTTTCTGCAATGTCTGTAACAAAAGTTTTGGAAGAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TGCTGGGGTTAAAAGACTATCTGTATCATTTGCAAACAGACCATTTTCTGCAATGTCTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5041_Genome_Tile_rc|1
ATAGCAGGTACAATAGTGCTTGCTGGGGTTAAAAGACTATCTGTATCATTTGCAAACAGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CAAATAAAGGGAACCAATTAATAGCAGGTACAATAGTGCTTGCTGGGGTTAAAAGACTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5081_Genome_Tile_rc|1
AGCAAAGTCTGAGTAACTATCAAATAAAGGGAACCAATTAATAGCAGGTACAATAGTGCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GGAATAAAAAAGGGATCTAAAGCAAAGTCTGAGTAACTATCAAATAAAGGGAACCAATTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5121_Genome_Tile_rc|1
CTAAGCGTCGTTTCTTACGTGGAATAAAAAAGGGATCTAAAGCAAAGTCTGAGTAACTAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TGAAAAACATTAAAGGATATCTAAGCGTCGTTTCTTACGTGGAATAAAAAAGGGATCTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5161_Genome_Tile_rc|1
CTGCAGACCACAGAGCCATCTGAAAAACATTAAAGGATATCTAAGCGTCGTTTCTTACGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GTGCTTGATATAAAAATATACATCCGTTTCTTGCACGTATTCATCAGTGCGCAACACACGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5281_Genome_Tile_rc|1
CAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGATATAAAAATATACATCCGTTTCTTGCACGTATT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCAGTGCTTGATATAAAAATATAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GTTATAGTGCTCTGTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTACCAACTATTAAAAGTCTTTCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5341_Genome_Tile_rc|1
TAGCAGAACTTTAGGTACTGTTATAGTGCTCTGTGTTTTCAACATCAAAATAAGGATTAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CTACTTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACTAAACGTTTCCTTATCTGAATTATATAAATTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GCCAAGAGGACCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAGTTTCCAAACTAAACGTTTCCTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5501_Genome_Tile_rc|1

GGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGCCTACTTCCAAACCAACAAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5521_Genome_Tile_rc|1
CCCCTATCTTATTTAGTAAAGGATGACCTGTAGATCCTACGCCAAGAGGACCCCCTCTGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt5641_Genome_Tile_rc|1
ATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACTATTTAGTATCTGACTCTGCTTAGGATCCATGG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5661_Genome_Tile_rc|1
TGGTTTAGCTAAATCCCAGTATTCTCCAGTGGCTGGAGCACAACTATTTAGTATCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt5681_Genome_Tile_rc|1
CCGTTTTCCAAATCATTGCATGGTTTAGCTAAATCCCAGTATTCTCCAGTGGCTGGAGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5701_Genome_Tile_rc|1
GTTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATCATTGCATGGTTTAGCTAAATCCCAGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5721_Genome_Tile_rc|1
CTGAATAACAGTATTAAGTAGTTGAATTGGTGGTGCAGCCCCGTTTTCCAAATCATTGCA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5801_Genome_Tile_rc|1
TCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGAAAATTAGCAGCCCCAAAGCCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5821_Genome_Tile_rc|1
TACTAATAGAATCTATTAAGTCTAGAGGGACGCCAGCACGATCCTGCATCAACTTAGGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5881_Genome_Tile_rc|1
CAAAAAAGAAGACAGAGTCTCCATAAATATCTTTGGTCATCTTTAAAAAATCTGGCCATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt5901_Genome_Tile_rc|1
ATAACATTGTTCCCGTTTTACCAAAAAAGAAGACAGAGTCTCCATAAATATCTTTGGTCAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5921_Genome_Tile_rc|1
CTTGCAAAAAAGATGACGAGCATAACATTGTTCCCGTTTTACCAAAAAAGAAGACAGAGTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt5961_Genome_Tile_rc|1
TCCATTTTCTGTTGGTATAGGCTCCCCCATTTGGCCAGCTCTTGCAAAAAAGATGACGAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6001_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATACTCCATTTTCTGTTGGTATAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6021_Genome_Tile_rc|1
AGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAATCAGGAGTTATATAATATAC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6041_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGTGTAATAACACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATCTGTTGTTTTGATCGGCAGAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6061_Genome_Tile_rc|1
TAGTATTCAAGGATCCACTTGGTGTGTGTAATAACACAGAAGATCCTAAATGAGAAGATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6181_Genome_Tile_rc|1
AATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACGTAAATAACAGCTCATTTCCTCAACAAATGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6201_Genome_Tile_rc|1
ATTCTTAACACTAATAGTAAATTCACATTATGAGTATTATCAAAAACGTAAATAACAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6221_Genome_Tile_rc|1
TCAGTTAATGCAGTTTTATCATTCTTAACACTAATAGTAAATTCACATTATGAGTATTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6241_Genome_Tile_rc|1
AACCATTATCTATGTAGTTTTAGTTAATGCAGTTTTATCATTCTTAACACTAATAGTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6261_Genome_Tile_rc|1
ATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATGTAGTTTTAGTTAATGCAGTTTTATC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6281_Genome_Tile_rc|1
TGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGTAACCATTATCTATGTAGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6301_Genome_Tile_rc|1
CTATTTTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAAATCTGCATTATTATATTTGT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6321_Genome_Tile_rc|1
GCATAACTGAAAAACCAACTCTATTTCATATTCTTCTGTATGTCGAAGATATTGTTTAA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6361_Genome_Tile_rc|1
CGTGTAATGTGCCAGAACATCTGCAGTCAAGTTCACTTTGCATAACTGAAAAACCAACT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6461_Genome_Tile_rc|1
GTAGCCATGGATTGATATACCTGTAAAGTATCTTCAATGCCCGTTGGAGCTGGTGAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6481_Genome_Tile_rc|1
GTTTCAGCAGTAGGGCATTTAGTAGCCATGGATTTGATATACCTGTAAAGTATCTTCAATGC

>HPV48_Gamma_9628542_nt6501_Genome_Tile_rc|1
TGGATCTGTGTCTTCTTCTGTTTCAGCAGTAGGGCATTTAGTAGCCATGGATTTGATATA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6521_Genome_Tile_rc|1
CAGAAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTGTTTCAGCAGTAGGGCATTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6541_Genome_Tile_rc|1
GCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTATGGATCTGTGTCTTCTTCTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6561_Genome_Tile_rc|1
ACTTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTCCAGAACTGTAAGCTTTGTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6581_Genome_Tile_rc|1
TTTCGACCCAAGGAAAAGTGAAGTAAATCAGACGAGAAGCGCTCTGTCATATCTAAAGTC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6601_Genome_Tile_rc|1
AACCAGTTTGATATAAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGTGAAGTAAATCAGACGAGAAGC
>HPV48_Gamma_9628542_nt6621_Genome_Tile_rc|1
AGCTCGTTTACCATTTAACAAACCAGTTTGATATAAAAATTTTCGACCCAAGGAAAAGTGA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6641_Genome_Tile_rc|1
GCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACAAACCAGTTTGATATAAAAAT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6661_Genome_Tile_rc|1
TAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCTAGCTCGTTTACCATTTAACA
>HPV48_Gamma_9628542_nt6681_Genome_Tile_rc|1
TCTTACTCTCTACGCTTTGTAGATCTGGTACTAGATCCTGCAGCTGTATAGTCTGTTCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6701_Genome_Tile_rc|1
AACATTCTACATCTTTACTATCTTACTCTCCTACGCTTTGTAGATCTGGTACTAGATCCT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6721_Genome_Tile_rc|1
TTCACAGTATTAATAATGTAAACATTCTACATCTTTACTATCTTACTCTCCTACGCTTTG
>HPV48_Gamma_9628542_nt6801_Genome_Tile_rc|1
GTCAGAACCCACCAATGGAGGCGTATAAATGACACCACGGTAAAATATTCACAGTGTTT
>HPV48_Gamma_9628542_nt6861_Genome_Tile_rc|1
CTGAATCGTCTGCTGCTCCTCAGCGTCTGCTGACCAAATGACTGACCCAGGAGTTTATAG
>HPV48_Gamma_9628542_nt7001_Genome_Tile_rc|1
CTGTTTTAAGATATCTTGTGATCTCTGTCTGAAGTTGTAAAAGTTGGCAGTACATTTTA
>HPV48_Gamma_9628542_nt7021_Genome_Tile_rc|1
GTACAGTACCGCTTTAGGTACTGTTTTAAGATATCTTGTGATCTCTGTCTGAAGTTGTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0101_Genome_Tile_rc|1
ATTCACAGTGATACGGAAACGGTGCATGAAAATACTTGTAGGTAATGAAAGTAGTTGCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0121_Genome_Tile_rc|1
TATGTCTAATCAATAAATACATTACAGTGATACGGAAACGGTGCATGAAAATACTTGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0141_Genome_Tile_rc|1
TCAAGATGTCTTCCTTTTTATATGTCTAATCAATAAATACATTACAGTGATACGGAAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0161_Genome_Tile_rc|1
AGGTTTACCTGGTTGAGCCATCAAGATGTCTTCCTTTTTATATGTCTAATCAATAAATAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0181_Genome_Tile_rc|1
CTAAGTTCTAACACTGACTGAGGTTTACCTGGTTGAGCCATCAAGATGTCTTCCTTTTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TGGTACAACACAATCGTCTAATGGTATATTTAATAATCTACTAAGTTCTAACACTGACTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0241_Genome_Tile_rc|1
AATCTTTTGCAAAAGTTACATGGTACAACACAATCGTCTAATGGTATATTTAATAATCTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TTAACTCTGTATAACTTAGAAATCTTTTGCAAAAGTTACATGGTACAACACAATCGTCTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0281_Genome_Tile_rc|1
GCATTTGGTGTCAAAGTCAGTTAACTCTGTATAACTTAGAAATCTTTTGCAAAAGTTACA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0421_Genome_Tile_rc|1
AGAGGTGTATTTTCTTTTTGTTCTATTTCCCAACCTATCACACTCTCTACAAAATAATTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0441_Genome_Tile_rc|1
ACCTTACAATAATGTCCGAAAGAGGTGTATTTTCTTTTTGTTCTATTTCCCAACCTATCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0461_Genome_Tile_rc|1

TAATTTTAAGCAATGGTGACACCTTACAATAATGTCCGAAAGAGGTGTATTTTCTTTTTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0481_Genome_Tile_rc|1
AGCTTTTCAATTTGATTAAGTAATTTTAAGCAATGGTGACACCTTACAATAATGTCCGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0641_Genome_Tile_rc|1
CTTCACAGTGCAAATCAACAGTCTGTGGCTCAGTCAACTCTAAGACAATGTCTTGTAGAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0661_Genome_Tile_rc|1
ATCCTGCTCTGGCAACTCCTCTTCACAGTGCAAATCAACAGTCTGTGGCTCAGTCAACTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0821_Genome_Tile_rc|1
GGCAGTCGGGACACAAAATGACCACCTCTTCTAGCAGTAAGTCTTGCAGGCCACGTATTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt0981_Genome_Tile_rc|1
CATTACTTATAAGATCTGATACATCAGAATCTGAATTTTGCTCAAGCAATGTGTCCAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1061_Genome_Tile_rc|1
ACTTTGCAACAAAGCATTGCTCTCCTCTAACTCCTGCTGTTGAAACAGTTCTCGGGAGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1241_Genome_Tile_rc|1
TTCCTCCTGCTGCACCAATGTAGTAACATCTTCAGTTTCATTTGTAAGGGTCAATTCTAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1261_Genome_Tile_rc|1
GTCTCTAAAGCTGGTACCTCTTCCTCCTGCTGCACCAATGTAGTAACATCTTCAGTTTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1281_Genome_Tile_rc|1
TTAAGTTACTGGTGGAAAGATGTCTCTAAAGCTGGTACCTCTTCCTCCTGCTGCACCAATG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1341_Genome_Tile_rc|1
AGGTAGCTTTTAAGTTACTGCATCGCATAAGTTCTTTATAATGTGCATTATCTTCCTTCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1361_Genome_Tile_rc|1
ATTTTTTAAATTTTGATAGTAAGGTAGCTTTTAAAGTTACTGCATCGCATAAGTTCTTTATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1381_Genome_Tile_rc|1
ACAAAGCTTACACCAAAGCATTTTTTAAATTTTGATAGTAAGGTAGCTTTTAAAGTTACTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TGAAGTGGCGAGTCAGTTCAACAAAGCTTACACCAAAGCATTTTTTAAATTTTGATAGTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1421_Genome_Tile_rc|1
ACAACAAGTCTTATTACTTCTGAACTGGCGAGTCAGTTCAACAAAGCTTACACCAAAGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TTGCTTAGAACTTTCAAATAAATCATAATTTACACCATATATTGCTACCACCCAATCATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TAACAGTTTGTCTATTTTTTGCCAGCCTTGAAACACAACAGATATAAAAACATTGCAGACA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1601_Genome_Tile_rc|1
CATAGACACTAATAACCTTATAACAGTTTGTCTATTTTTTGCCAGCCTTGAAACACAACAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1641_Genome_Tile_rc|1
TTGGAGGTTCTGATAAAATTTGCTCCTCTGCCACATATAACATAGACACTAATAACCTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt1741_Genome_Tile_rc|1
GTTTGTCTATAATCCATTTAGGATAAGACCCATGTGTAAAGGTAGCAGCATTTGAGCTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2141_Genome_Tile_rc|1
ATATATTAATAAACAATTCTTTTTAGGTTTACCATGTAAAAATCTTTTAAAGCACTTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2781_Genome_Tile_rc|1
AACTGGTAAGTAACCCAGCCGACACCCCATTTTGTCTAGCATAATAAAGTAACACTGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2821_Genome_Tile_rc|1
TAGCCTGTTTAGCTTTGGCTTCTGAGGTAGCTAGTGGTGGAACTGGTAAGTAACCCAGCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2861_Genome_Tile_rc|1
GGAGATTGTTGTAAAGATTGCAGCTGCAACACCATACTAATAGCCTGTTTAGCTTTGGCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2881_Genome_Tile_rc|1
TCCACTTTTCTGTGCCATAAGGAGATTGTTGTAAAGATTGCAGCTGCAACACCATACTAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt2901_Genome_Tile_rc|1
TATGCTTGTGTCCACAGTGTCACCTTTTCTGTGCCATAAGGAGATTGTTGTAAAGATTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3141_Genome_Tile_rc|1
GTATCTATTGGCATCATCAGCAAACAGCACATAATAATGTTTAAACTCCCCCTATTAAATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3281_Genome_Tile_rc|1
GTTGGGCTTGAGGCCTTGGAGTTAGCGGTGGATCCGGGTAGTTCTCGGGACCTCCTGGG

>HPV24_Unclassified_9628486_nt3301_Genome_Tile_rc|1
AGGCTTGTTGTGGCTGTTGGGTTGGGCTTGAGGCCTTGAGTTAGCGGTGGATCCGGGTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3361_Genome_Tile_rc|1
AGTCAGTGGGGCTTGACTCCCTTCGCCCCGTACCTCTTCCGCTTGGTTGTTTCGTCACTAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3381_Genome_Tile_rc|1
GGATCGTCTGCTGCATCTGGAGTCAGTGGGGCTTGACTCCCTTCGCCCCGTACCTCTTCCG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CTAGATCGAGTTTGTAGTGGAGCTGCAGCGCGACCGGTGCGGGACCGTGCTCGTCGCCCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3501_Genome_Tile_rc|1
GTTGCCCCCTGGAGGTTGATCTGGACCTCCTTGAGGTGGATCTAGATCGAGTTTGTAGTGGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt3541_Genome_Tile_rc|1
CTCCTCGTTGCCCTCTGGGGGTGTCTCCCTACACCTCCTGTTGCCCTGGAGGTTGATC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4001_Genome_Tile_rc|1
TTATCAAAACTTCCCAGTGACCAATCTACACCCTTAGGAAATCTTACTAGGTCGAGAAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4021_Genome_Tile_rc|1
GCTATGTTAGTACTTACAGTTTATCAAACTTCCCAGTGACCAATCTACACCCTTAGGAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4041_Genome_Tile_rc|1
TATGTGTGTTAGTAGCAAAAGCTATGTTAGTACTTACAGTTTATCAAACTTCCCAGTGA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4081_Genome_Tile_rc|1
ACGCACCATTGCAAAGCATACAAAAGTAAAAATAGGTTATATGTGTGTTAGTAGCAAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4341_Genome_Tile_rc|1
GCAGGCCGAACGACTGTGGGTGTACTGCCACACGAACCTCCAGTACCTTCACCCAATGGC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4361_Genome_Tile_rc|1
CTATTACTTCAGGCACAAGGGCAGGCCGAACGACTGTGGGTGTACTGCCACACGAACCTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4421_Genome_Tile_rc|1
TAGATGACGATGCTGGGTCAACAGGGGCTATTGTATCAACAGGTAATAAGTCAGCAGGAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TGATTCAAGAGGAACTATAGATGACGATGCTGGGTCAACAGGGGCTATTGTATCAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4461_Genome_Tile_rc|1
GGTAAAGGTCTACACCTGATGATTCAAGAGGAACTATAGATGACGATGCTGGGTCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4541_Genome_Tile_rc|1
TGCTTGTTGTCACTACTGGAGTATCAAAATGTGGGCACATCAGGTATAGGATGTACTTCTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TAAATGGCACTAGAGCCTTTGCTTGTTGTCACTACTGGAGTATCAAAATGTGGGCACATC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4701_Genome_Tile_rc|1
GAGGCGACAATTATTTCTGCTCTGACAATGAACTCTCACCTTGACTTGGTGTAGATTCTGTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CTGATTGTCCACCTGCACCAGAGGCGACAATTATTTCTGCTCTGACAATGAACTCTCACCTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4741_Genome_Tile_rc|1
TATATTTTCAGAAACGCCTACTGATTGTCCACCTGCACCAGAGGCGACAATTATTTCTGTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CTATTTCAAAAGAATATCTATTTGATAAATCCTGCAGTTCTATATTTTCAGAAACGCCTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4861_Genome_Tile_rc|1
ATTTGTAAGTGATCTTTGTCTAAATGCTTGTTGTAGCTCTTTGTAATGGGGTACTGCTACG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4881_Genome_Tile_rc|1
ACTTGTTGTAACAGTCTCCTATTTGTAAGTGATCTTTGTCTAAATGCTTGTTGTAGCTCTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt4901_Genome_Tile_rc|1
ACAAAGGGTCTTCAACAGGCACTTGTTGTAACAGTCTCCTATTTGTAAGTGATCTTTGTGTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CAGTTCTGCAATATCTAAAAATCTCTGTTAGGAGGCTCTACAAAACCTGCAAGGTCTTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5101_Genome_Tile_rc|1
ACGACCCAATCTGCTTAACCTAACATAACCCTCGCGTGTTTCAGAAAAATCTAGGCCCTTCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5121_Genome_Tile_rc|1
CTTGTTCTAATAGTTGCTCTACGACCCAATCTGCTTAACCTAACATAACCCTCGCGTGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5141_Genome_Tile_rc|1

CTCCTATTTGTGTTCTGCCCCTTGTCTAATAGTTGCTCTACGACCCAATCTGCTTAACC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TTTATAAAAATGTACTTGTGCTCCTATTTGTGTTCTGCCCCTTGTCTAATAGTTGCTCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TATCAATTTCCAACCTCCATTTGTTCAGCTAAAGGATTTTCTCTATATTAGTATCTATAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5341_Genome_Tile_rc|1
TGAATGAGCTTCAGGATAAGTATCAATTTCCAACCTCCATTTGTTCAGCTAAAGGATTTTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TCATCTAACAAAGCATCAAATGAATGAGCTTCAGGATAAGTATCAATTTCCAACCTCCATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GCCTATAACTAACTGTGAACCACTAAAAATCGTCTGTTGCTTCATCTAACAAAGCATCAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AGAAGAATTTCTTGGGGATTCAAATCTAGGAACAGTATATGATGTAGTGATCTTCTATT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TATTTTATCGCGAGATTCAAGGATAGGCTACATAATATCCCTGCAAATCCTGTACATAATA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5541_Genome_Tile_rc|1
GGTGAGGGATAAATAAGTTCTATTTTATCGCGAGATTCAAGGATAGGCTACATAATATCCC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5561_Genome_Tile_rc|1
TGACAACTGCAGGTAATGTGGGTGAGGGATAAATAAGTTCTATTTTATCGCGAGATTCAG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt5581_Genome_Tile_rc|1
ACTACTATCTTCTGTATGTATGACAACCTGCAGGTAATGTGGGTGAGGGATAAATAAGTTC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6101_Genome_Tile_rc|1
AGGTATTTTGTCTATCATCTGTGGACGATGCTTGTGTCCTATATGATACAGGGTTTTCTG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6201_Genome_Tile_rc|1
TCATTATTATCACCAGCACACCTCTCAGCTACTTCCCAATGTTCTCTATGCAGGGTGCA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6321_Genome_Tile_rc|1
CTTACGTCTGATCTACTTTGTTGTAGTGTCTAAAATTTAAATTCCCATAACCAATATCT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6341_Genome_Tile_rc|1
TTTCATTTACAATATCCAACTTACGTCTGATCTACTTTGTTGTAGTGTCTAAAATTTA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6721_Genome_Tile_rc|1
AAAATTGGTGTTCCTGGTGTATCTACTACCGTAATGAACAATTGATTAGCCCAACAAAT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6741_Genome_Tile_rc|1
TCAGTGTATACACTTATACTAAAATTGGTGTTCCTGGTGTATCTACTACCGTAATGAAC
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6801_Genome_Tile_rc|1
CTCTGATATTCCCTAAATTTATTAGCATCATACTCGTTAATATCTGTTACTTTGCCATTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt6881_Genome_Tile_rc|1
TGATCTGTGCTAACACATCTGCTTTTAAAGGGATTTTACATAGCTGCAGTATAAGTGAAA
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7161_Genome_Tile_rc|1
ACATTAGATGTTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCGCTTGAAACAGGAACTTTTCGT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7181_Genome_Tile_rc|1
TTCGTTTGGTCCCCTTGGATACATTAGATGTTTTTTTAGATGTTTTTTGTACAAGACCCG
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7241_Genome_Tile_rc|1
TTCTTGAATACACATATATTGTACCGAAAACGGTAAACAGCCTTTATTTTACGTGCGTT
>HPV24_Unclassified_9628486_nt7261_Genome_Tile_rc|1
ACGCACATGAATAACAAGCATTCTTGAATACACATATATTGTACCGAAAACGGTAAACA
>HPV1_Mu_9626063_nt0001_Genome_Tile_rc|1
TTCTGGCATATAACTCCTAGGTTCTTGTGTAACTAGAATAATGAATGATGGTAGTTAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt0021_Genome_Tile_rc|1
TGTGTATTTTATAGGCTTACTTCTGGCATATAACTCCTAGGTTCTTGTGTAACTAGAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt0041_Genome_Tile_rc|1
GTCCTGTGCAGAGTCTTACCTGTGTATTTTATAGGCTTACTTCTGGCATATAACTCCTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt0081_Genome_Tile_rc|1
CGGAAAGCTGTCTGACGGTCCGGATTGGTGTGCGCATCTGGTCTGTGCAGAGTCTTACC
>HPV1_Mu_9626063_nt0101_Genome_Tile_rc|1
ATATGGGATACAGAGGCTTTCGGAAAGCTGTCTGACGGTCCGGATTGGTGTGCGCATCTG

>HPV1_Mu_9626063_nt0121_Genome_Tile_rc|1
CAAGGCAATAAAACATCAATATATGGGATACAGAGGCTTTCGGAAAGCTGTCTGACGGTC
>HPV1_Mu_9626063_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TGTCTCTCCAGACAAGATGCAAATCAAAATGATCAAAAAGCAGCTTCTCAGCATTAGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt0241_Genome_Tile_rc|1
ACAGTTCTAGCACACCCTTGACAGCATCCAAACACCAAATTGTCTCTCCAGACAAGATGC
>HPV1_Mu_9626063_nt0261_Genome_Tile_rc|1
AAACAAACTCCAATAGGCTAACAGTTCTAGCACACCCTTGACAGCATCCAAACACCAAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt0281_Genome_Tile_rc|1
ATAAGACTCCTGATAATATAAAACAAACTCCAATAGGCTAACAGTTCTAGCACACCCTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TCTTCTATTTCCGGTACCTCATAAGACTCCTGATAATATAAAACAAACTCCAATAGGCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt0321_Genome_Tile_rc|1
ATAAAGGTCTGTCCAAAATTTCTTCTATTTCCGGTACCTCATAAGACTCCTGATAATATA
>HPV1_Mu_9626063_nt0341_Genome_Tile_rc|1
ACAACGGAGTTCAATTTGCAATAAAGGTCTGTCCAAAATTTCTTCTATTTCCGGTACCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt0381_Genome_Tile_rc|1
CCAATTTTTCAGCAACACTCAGTTTTTTTATGCATGTAACACAACGGAGTTCAATTTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TTCTCCGTTTGACACAACCTCCAATTTTTCAGCAACACTCAGTTTTTTTATGCATGTAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt0461_Genome_Tile_rc|1
AGCATACAAGCGACACAAACTACACTTTGCTTTAAGTCTGTTTCTAACTCTATGCACTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt0481_Genome_Tile_rc|1
TTGCGCCACCATTGTTATATAGCATACAAGCGACACAAACTACACTTTGCTTTAAGTCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt0501_Genome_Tile_rc|1
AGGTCTTTTAGTGCTGGCATTTCGCCCCACCATTGTTATATAGCATACAAGCGACACAAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt0521_Genome_Tile_rc|1
TTGGTTCAAGTTGAAGAACCAGGTCTTTAGTGCTGGCATTTCGCCCCACCATTGTTATAT
>HPV1_Mu_9626063_nt0541_Genome_Tile_rc|1
AAGATCTAAATCTAGGACGCTTGTTCAAGTTGAAGAACCAGGTCTTTAGTGCTGGCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt0601_Genome_Tile_rc|1
TTGCTGAGGCGACACTAACTCCTCCTCTATGTCATCAGGAGGCACCTCCTCGTAACAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt0621_Genome_Tile_rc|1
GAAGCAACGACAGCATAAGGTTGCTGAGGCGACACTAACTCCTCCTCTATGTCATCAGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt0701_Genome_Tile_rc|1
GAAGGAGTTCTCCAGCTGTCTAATGGCGCTGTGATCCGCGAGGACGGTCAATCGAACCA
>HPV1_Mu_9626063_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CACGATGTTCAAAGATCGCAGAAGGAGTTCTTCCAGCTGTCTAATGGCGCTGTGATCCGC
>HPV1_Mu_9626063_nt0741_Genome_Tile_rc|1
TGTAGGGTGACAGTGGGCACACGATGTTCAAAGATCGCAGAAGGAGTTCTTCCAGCTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt0801_Genome_Tile_rc|1
TCGCCTCCACCAAAAACCAATCGTTTTTCAGTACCTTTATTATCTGCCATTTTACTGTGCG
>HPV1_Mu_9626063_nt0841_Genome_Tile_rc|1
TCACCAAGTGAGTTTCCTCTAACGTTTCCTCACAATCTGTGCGCTCCACCAAAAACCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt0881_Genome_Tile_rc|1
TAAATCAGATAAGTCGCTAACACAAGAAACATTATCTAGGTCACCAAGTGAGGTTTCCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt1021_Genome_Tile_rc|1
TCTGTTTTCGTCCGCGCTTCTCGCCTGAGGACTGTAAAGTAACTTTTCGTTTTAAAGCATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt1041_Genome_Tile_rc|1
TAGGACTAATGCTAGCAATGTCTGTTTCGTCCGCGCTTCTCGCCTGAGGACTGTAAAGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt1081_Genome_Tile_rc|1
CTTTTTTTGTCTTGCTTTGTAATAGAAATAGTTTTCTAATCTAGGACTAATGCTAGCAATG
>HPV1_Mu_9626063_nt1101_Genome_Tile_rc|1
AAAACAGTTGCCTTCGATACCTTTTTTTTGCTTGCTTTGTAATAGAAATAGTTTCTAATC
>HPV1_Mu_9626063_nt1121_Genome_Tile_rc|1

TAAACCACTATCATCCTGAGAAAACAGTTGCCTTCGATACCTTTTTTTGTCTTGCTTTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt1141_Genome_Tile_rc|1
TCCTGAAGCAGCGATAGCTCTAAACCACTATCATCCTGAGAAAACAGTTGCCTTCGATAC
>HPV1_Mu_9626063_nt1161_Genome_Tile_rc|1
CATCAATATTTTCAGTTTCATCCTGAAGCAGCGATAGCTCTAAACCACTATCATCCTGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt1181_Genome_Tile_rc|1
TTGATCTACCTGTGTCGATTCATCAATATTTTCAGTTTCATCCTGAAGCAGCGATAGCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt1201_Genome_Tile_rc|1
CCAGTATGTTCTTTCTGCTGTTGATCTACCTGTGTCGATTCATCAATATTTTCAGTTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt1221_Genome_Tile_rc|1
CCCCAGCGGCCCAACTTCCCCAGTATGTTCTTTCTGCTGTTGATCTACCTGTGTCGATT
>HPV1_Mu_9626063_nt1241_Genome_Tile_rc|1
ACTAGCTTTCAAAATGTTACCCCCAGCGGCCCAACTTCCCCAGTATGTTCTTTCTGCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt1261_Genome_Tile_rc|1
AATAATGCGGCGCGGATATTACTAGCTTTCAAAATGTTACCCCCAGCGGCCCAACTTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt1281_Genome_Tile_rc|1
CCGTATCTTTAAATCTGCTTAATAATGCGGCGCGGATATTACTAGCTTTCAAAATGTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt1301_Genome_Tile_rc|1
GTCTGTAAACTGACGCCAGCCGTATCTTTAAATCTGCTTAATAATGCGGCGCGGATATT
>HPV1_Mu_9626063_nt1321_Genome_Tile_rc|1
CTCTTGTAACGACGCGTCAGGTCTGTAAACTGACGCCAGCCGTATCTTTAAATCTGCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt1401_Genome_Tile_rc|1
ATAATTCTTTTACACTGTCAATTAAATTTTCACGGACACCCCAAACCTGCCAAAACCCAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt1421_Genome_Tile_rc|1
ATACACACAATGGGTTTGCAATAATTCTTTTACACTGTCAATTAAATTTTCACGGACACC
>HPV1_Mu_9626063_nt1441_Genome_Tile_rc|1
ACTGCATGTTCCAATTGAATATACACACAATGGGTTTGCAATAATTCTTTTACACTGTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt1461_Genome_Tile_rc|1
AAAATCTATTTTTTTTCAGTTACTGCATGTTCCAATTGAATATACACACAATGGGTTTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt1481_Genome_Tile_rc|1
AAATCGTACCAATAAAAATAAAAATCTATTTTTTTTCAGTTACTGCATGTTCCAATTGAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt1501_Genome_Tile_rc|1
TCTCTACTTTTCTGGGCTTTAAATCGTACCAATAAAAATAAAAATCTATTTTTTTTCAGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt1521_Genome_Tile_rc|1
TTATAAGTTTATCACAGTCTCTCTACTTTTCTGGGCTTTAAATCGTACCAATAAAAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt1541_Genome_Tile_rc|1
ATCAACTGGAAGAATTGTGGTTATAAGTTTATCACAGTCTCTCTACTTTTCTGGGCTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt1561_Genome_Tile_rc|1
TCAGACAAAATATAGCTAGCATCAACTGGAAGAATTGTGGTTATAAGTTTATCACAGTC
>HPV1_Mu_9626063_nt1581_Genome_Tile_rc|1
CACTTCTTGATTTTGGAGGCTCAGACAAAATATAGCTAGCATCAACTGGAAGAATTGTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt1661_Genome_Tile_rc|1
TGCAATCCACTCCAAAGTTGTACCCCATGTAAAAACAGTTGAAGACATAGATCTTTTATA
>HPV1_Mu_9626063_nt1681_Genome_Tile_rc|1
TGATTAATAAGGGTTTGCTGTGCAATCCACTCCAAAGTTGTACCCCATGTAAAAACAGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt1701_Genome_Tile_rc|1
GACTTTCGGAATCTAACTGATGATTAATAAGGGTTTGCTGTGCAATCCACTCCAAAGTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt1901_Genome_Tile_rc|1
CATTTGTGCCATCTCAGCACGTAAATAGTGCTTACCATTGTGCACAGTCTTTCACATA
>HPV1_Mu_9626063_nt1941_Genome_Tile_rc|1
CTACATTATCTAGTTTTCTAAAAATCCACTCTGACATAGACATTTGTGCCATCTCAGCAC
>HPV1_Mu_9626063_nt1981_Genome_Tile_rc|1
CTTAAAAATCTTACAATTTCTTTCCAATTACCAGAACCTTCTACATTATCTAGTTTTCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt2081_Genome_Tile_rc|1
ATTTGGAGGTCCAAATATTAACAAACAGTTTTTCTTTGGCTTACCACATAACAAATCTTT

>HPV1_Mu_9626063_nt2121_Genome_Tile_rc|1
ACAACCTTTAATAAACTTGTACAAAACATTGATTTTCCTGTATTTGGAGGTCCAAATATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TGAAATCACTTTCCTCCTAACAACTTTAATAAACTTGTACAAAACATTGATTTTCCTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt2161_Genome_Tile_rc|1
TGACTTTTACTGTTACAGTATGAAATCACTTTCCTCCTAACAACTTTAATAAACTTGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt2321_Genome_Tile_rc|1
TGGGCATTTAATTTGTTGAGGAGCTCTATGTTTTAAATCAATACAAATAGTGTTACCATC
>HPV1_Mu_9626063_nt2381_Genome_Tile_rc|1
ATGCAAAATACATCCAACAGGTATCTGATTTAACATCAATATTACTAGTAATAAGTAAAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt2401_Genome_Tile_rc|1
TTAAAAGCTGATATTCTACTATGCAAAATACATCCAACAGGTATCTGATTTAACATCAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt2421_Genome_Tile_rc|1
ATGGAAACTCATGAGCAAATTTAAAAGCTGATATTCTACTATGCAAAATACATCCAACAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt2441_Genome_Tile_rc|1
TGGATCACCATTGTCCTTTAAATGGAAACTCATGAGCAAATTTAAAAGCTGATATTCTACT
>HPV1_Mu_9626063_nt2461_Genome_Tile_rc|1
TCGTCTGTTAAGGAAAATCCTGGATCACCATTGTCCTTTAAATGGAAACTCATGAGCAAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt2641_Genome_Tile_rc|1
TAATTAGATTCCACTGCTTAATTTGATCTTCTATCAATTTACTGTCTGTTCATATAGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt2661_Genome_Tile_rc|1
GAAAAGAAGCTTGTCTTGTCTAATTAGATTCCACTGCTTAATTTGATCTTCTATCAATTT
>HPV1_Mu_9626063_nt2721_Genome_Tile_rc|1
CGCTAAAGATGGAAGTGCCTGCAATCCAATTCTCATTACCCATTTTTTCTGGCGAAATG
>HPV1_Mu_9626063_nt2741_Genome_Tile_rc|1
TTTGCTTCTCCTGTGAGGACGCTAAAGATGGAAGTGCCTGCAATCCAATTCTCATTACC
>HPV1_Mu_9626063_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ACACCATTTCAATAGCTGTCTTTGCCTTCTCCTGTGAGGACGCTAAAGATGGAAGTGCCT
>HPV1_Mu_9626063_nt2781_Genome_Tile_rc|1
CTTTAAAGACTCTAAATGTAACACCATTTCAATAGCTGTCTTTGCCTTCTCCTGTGAGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt2821_Genome_Tile_rc|1
TGTCTTGAAAGTGACCAATCCTCTGTGCCATAAGGTGAGTCCTTTAAAGACTCTAAATGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt2921_Genome_Tile_rc|1
CTTGTCTGATTATCAGGGTTATTGTCATAGGTAACCTCAAGTGTGCTGCCACTCTTCTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt2941_Genome_Tile_rc|1
CATGATTCCAAATTGTGTGCCTTGTCTGATTATCAGGGTTATTGTCATAGGTAACCTCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt2961_Genome_Tile_rc|1
GTCCCCATTTTGATAATACACATGATTCCAAATTGTGTGCCTTGTCTGATTATCAGGGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt3001_Genome_Tile_rc|1
CTACAGCATCAACACCACTGGATACTTTTCTCCATACATCGTCCCCATTTTGATAATACA
>HPV1_Mu_9626063_nt3021_Genome_Tile_rc|1
GTGTTCTAAATAGTACACTCCTACAGCATCAACACCACTGGATACTTTTCTCCATACATC
>HPV1_Mu_9626063_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TAATAATTTTATAGCCATCGTGTCTAAATAGTACACTCCTACAGCATCAACACCACTG
>HPV1_Mu_9626063_nt3061_Genome_Tile_rc|1
CCTCCTCAGCAAATAACACATAATAATTTTATAGCCATCGTGTCTAAATAGTACACTC
>HPV1_Mu_9626063_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TAATTTACAGCATATTGTCCTGTGTGCTGTACTTAGAGGCCTCCTCAGCAAATAACACA
>HPV1_Mu_9626063_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TTGTAAACCTTTTACCCCTGTAATTTACAGCATATTGTCCTGTGTGCTGTACTTAGAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt3141_Genome_Tile_rc|1
GCTAGTGGAAGACATAACATTTGTAAACCTTTTACCCCTGTAATTTACAGCATATTGTCC
>HPV1_Mu_9626063_nt3181_Genome_Tile_rc|1
AGTCGGAGTGACTGCAGGAGCCCCAGCAGCCCTTGGGGAGCTAGTGGAAGACATAACAT
>HPV1_Mu_9626063_nt3201_Genome_Tile_rc|1

ACTCTCGGATAGGGTTGGGTAGTCGGAGTGTACTGCAGGAGCCCCAGCAGCCCTTGGGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt3241_Genome_Tile_rc|1
GTTTCGGTGTAGTCGATGGACGTCGATTGCTGGGCGGTGTCACTCTCGGATAGGGTTGGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt3281_Genome_Tile_rc|1
TGTCTTTGTCGGACCTGCGAGGTCTCCCCCTGTCCTGGGAGTTCGGTGTAGTCGATGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt3301_Genome_Tile_rc|1
TGCGTACAGGTGTTTTCTGCTGTCTTTGTCGGACCTGCGAGGTCTCCCCCTGTCCTGGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt3381_Genome_Tile_rc|1
TGTCCTAGAGGGCGTTGATTCTCTTCTCTTCGTCCTCCACCTCTGGGACTTCTGGATCT
>HPV1_Mu_9626063_nt3521_Genome_Tile_rc|1
AGCTGATTGGCACCCCTTTTACACAGACCACGGGTGGATCCCAAGCTTCCTGCAGAAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt3581_Genome_Tile_rc|1
GTGCTTATGCTGTCAAAGTCAACTTGAGTAGATGCTTTAAGTCTGTACCTGAGACACTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TATCCTCTCGGTGTTTTTCTATCTGTCCAATGCCATGTGGTGCTTATGCTGTCAAAGTC
>HPV1_Mu_9626063_nt3641_Genome_Tile_rc|1
ACTAACATTCTAGCACTACCTATCCTCTCGGTGTTTTTCTATCTGTCCAATGCCATGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt3661_Genome_Tile_rc|1
GAGCCTCATCAATAAACTTTACTAACATTCTAGCACTACCTATCCTCTCGGTGTTTTTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt3681_Genome_Tile_rc|1
CTCAAGAACTTCTCTCGTTGAGCCTCATCAATAAACTTTACTAACATTCTAGCACTACC
>HPV1_Mu_9626063_nt3701_Genome_Tile_rc|1
GATCTGGGCAAAGCAACTCTCTCAAGAACTTCTCTCGTTGAGCCTCATCAATAAACTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt3721_Genome_Tile_rc|1
GTCCCCAAAACACAGACACTGATCTGGGCAAAGCAACTCTCTCAAGAACTTCTCTCGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt3741_Genome_Tile_rc|1
ATTTTAAAGACCCATTAAACTGTCCAAAAACACAGACACTGATCTGGGCAAAGCAACTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt3781_Genome_Tile_rc|1
GGACTATGTACACACGTCCAAGCAAAATCAACTTCCATTAATTTTAAAGACCCATTAAACT
>HPV1_Mu_9626063_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TAGGAGGGGAATATATACAGGGACTATGTACACACGTCCAAGCAAAATCAACTTCCATTA
>HPV1_Mu_9626063_nt3821_Genome_Tile_rc|1
AGCTTCAAGGTATGTGGGGGTAGGAGGGGAATATATACAGGGACTATGTACACACGTCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt3841_Genome_Tile_rc|1
ACATTTGTTACAATGTTGCAAGCTTCAAGGTATGTGGGGGTAGGAGGGGAATATATACAG
>HPV1_Mu_9626063_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GCGTTTTCTACGTAGGCGATACATTTGTTACAATGTTGCAAGCTTCAAGGTATGTGGGGG
>HPV1_Mu_9626063_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TATATATCTTTGGGGGCAGCGCGTTTTCTACGTAGGCGATACATTTGTTACAATGTTGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt3941_Genome_Tile_rc|1
GTATGCTCAATTTTATTTTGAATGTCAGGTGGGCAGGTGTTTGATATTTTGCATGAGGGG
>HPV1_Mu_9626063_nt4061_Genome_Tile_rc|1
CCACCCTCACCGAGGGGAGTATAACCAATTCCTCCTCCAGAGCCTCTGGCTGTTCCAATG
>HPV1_Mu_9626063_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ACTGTTTCCACAGGTATTGTAGGCCTTACTGGAGTTGGACGAGTAGCAACTCTAACCCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GGAAAATTTCACTGGGGCCTACTGTTTCCACAGGTATTGTAGGCCTTACTGGAGTTGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AGGATCTACAACATCTATGGGGAAAATTTCACTGGGGCCTACTGTTTCCACAGGTATTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CTCTACCTAAATCTTGTAGGGGAATAACAGCAGGCCTGTAGGATCTACAACATCTATGG
>HPV1_Mu_9626063_nt4221_Genome_Tile_rc|1
CACAGTTGGTATTGGGAAGTCTCTACCTAAATCTTGTAGGGGAATAACAGCAGGGCCTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TGAATTTCTGCAATAACCTGCACAGTTGGTATTGGGAAGTCTCTACCTAAATCTTGTAGG

>HPV1_Mu_9626063_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TTGGTATGTCAGAAATAGGGTGAATTTCTGCAATAACCTGCACAGTTGGTATTGGGAAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4281_Genome_Tile_rc|1
TGTTGAAGATGCAACAATGTTTGGTATGTCAGAAATAGGGTGAATTTCTGCAATAACCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt4301_Genome_Tile_rc|1
ATGGCAGATTCTCCTTCATTTGTTGAAGATGCAACAATGTTTGGTATGTCAGAAATAGGG
>HPV1_Mu_9626063_nt4321_Genome_Tile_rc|1
TCCCTCGTAACACATCTAATATGGCAGATTCTCCTTCATTTGTTGAAGATGCAACAATGT
>HPV1_Mu_9626063_nt4341_Genome_Tile_rc|1
AACAGTGCATGATTGGTTGCATTCCCTCGTAACACATCTAATATGGCAGATTCTCCTTCATT
>HPV1_Mu_9626063_nt4361_Genome_Tile_rc|1
TTATTGTATTGTGTTCTTGAAACAGTGCGTATGGTTGCATTCCCTCGTAACACATCTAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt4381_Genome_Tile_rc|1
ATGCAACAGTGAAAGAGGGGTTATTGTATTGTGTTCTTGAAACAGTGCGTATGGTTGCAT
>HPV1_Mu_9626063_nt4401_Genome_Tile_rc|1
AGCACTTATATTAGATGTAGATGCAACAGTGAAAGAGGGGTTATTGTATTGTGTTCTTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt4421_Genome_Tile_rc|1
TCTGATGTTGATGCTTCTCCAGCACTTATATTAGATGCAACAGTGAAAGAGGGG
>HPV1_Mu_9626063_nt4441_Genome_Tile_rc|1
CATTGCTAACAATAACAATATCTGATGTTGATGCTTCTCCAGCACTTATATTAGATGTAG
>HPV1_Mu_9626063_nt4481_Genome_Tile_rc|1
ACCAAGGGGATATCCTCGCCACCACCTGTCACCTGAACATTGCTAACAATAACAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt4501_Genome_Tile_rc|1
CAAGGCCTAAGTTTAATTCTACCAAGGGGATATCCTCGCCACCACCTGTCACCTGAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt4521_Genome_Tile_rc|1
AACAGAAGATGTGTCTGTTTCAAGGCCTAAGTTTAATTCTACCAAGGGGATATCCTCGCC
>HPV1_Mu_9626063_nt4541_Genome_Tile_rc|1
GAAATGCTGTTTCTTGTAACAAGATGTGTCTGTTTCAAGGCCTAAGTTTAATTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt4561_Genome_Tile_rc|1
CAGCAATTGGTGTGCTGCTGGAAAATGCTGTTTCTTGTAACAAGATGTGTCTGTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt4581_Genome_Tile_rc|1
GGGCCTAAAAGAGGGTCTTTTCAGCAATTGGTGTGCTGCTGGAAAATGCTGTTTCTTGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt4641_Genome_Tile_rc|1
AACGAACCTAGGGTCTTGTAAGTGTGACCTGTTTATATAGACGCTTATTATAGAATCTTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt4661_Genome_Tile_rc|1
ACCATTGACTGTGGCTGCTCAACGAACCTAGGGTCTTGTAAGTGTGACCTGTTTATATAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GAGCAAGAGCATCTAAGTCTCTTTGGAAGATAATAGACACCTCATCAAGCTCTGGCTCAA
>HPV1_Mu_9626063_nt4761_Genome_Tile_rc|1
AAATTCAGGCACTGGTGTCTGAGCAAGAGCATCTAAGTCTCTTTGGAAGATAATAGACAC
>HPV1_Mu_9626063_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CTCAGATAAACTACATCTCTAAATTCAGGCACTGGTGTCTGAGCAAGAGCATCTAAGTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt4821_Genome_Tile_rc|1
CCTTAACCGTCCCCCTGGTTCCCGCGAAAATGTGGGCTTGCTCAGATAAACTACATCTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GGCGTGTAAGCAATAGTTGAACCTTTTGCCAAGGCGGCTAACCTTAACCGTCCCCCTGGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt4881_Genome_Tile_rc|1
GGCGCCAATTGCTGTGCCCAGGCGGTGTAAGCAATAGTTGAACCTTTTGCCAAGGCGGCTAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt4921_Genome_Tile_rc|1
CTGGAGCAATAAGCACTTAAATCATAGAAAAAGTGGGTTCTGGCGCCAATTGCTGTGCCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt4941_Genome_Tile_rc|1
CAATAATTCAATTGAGTCTTCTGGAGCAATAGAACTTAAATCATAGAAAAAGTGGGTTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt4961_Genome_Tile_rc|1
TGACTATGCTCACCTAAAGGCAATAATTCAATTGAGTCTTCTGGAGCAATAAGCACTTAA
>HPV1_Mu_9626063_nt4981_Genome_Tile_rc|1

TGGAAC TAATGACTGTTGTTTGACTATGCTCACCTAAAGGCAATAATTCAATTGAGTCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5001_Genome_Tile_rc|1
AAATGCTGTGTCACCTAAGTTGGAAC TAATGACTGTTGTTTGACTATGCTCACCTAAAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TCTGCTGTCTCACCTTGTATAAATGCTGTGTCACCTAAGTTGGAAC TAATGACTGTTGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5041_Genome_Tile_rc|1
AGATAACTTCTAAGTCATCCTCTGCTGTCTCACCTTGTATAAATGCTGTGTCACCTAAGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5061_Genome_Tile_rc|1
TAATTGTGGTGTTTCTAAAGAGATAACTTCTAAGTCATCCTCTGCTGTCTCACCTTGTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5081_Genome_Tile_rc|1
AAAAGCTCTTCTTCTGAATATAATTGTGGTGTTTCTAAAGAGATAACTTCTAAGTCATCC
>HPV1_Mu_9626063_nt5101_Genome_Tile_rc|1
CCACACTTTCGTTTGTGTCTAAAAGCTCTTCTTCTGAATATAATTGTGGTGTTTCTAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5121_Genome_Tile_rc|1
AGTAAGTTGCAAATTTTCGCCCACACTTTCGTTTGTGTCTAAAAGCTCTTCTTCTGAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TCACCTCTGAGTTAGTAATAGTAAGTTGCAAATTTTCGCCCACACTTTCGTTTGTGTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TTAAATCTAGTATAGAAACCTCACCTCTGAGTTAGTAATAGTAAGTTGCAAATTTTCGC
>HPV1_Mu_9626063_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TGGCCTGACTCTGCTTTGTGTTAAATCTAGTATAGAAACCTCACCTCTGAGTTAGTAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GTATCTTCAGTGCCAAAAGGTGGCCTGACTCTGCTTTGTGTTAAATCTAGTATAGAAACC
>HPV1_Mu_9626063_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TCTTCAGGATTAATTATTGGAGTCCCTTTAGAAGAATTTGGGTAATATACATGCAAGCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TGAGTTGTTAAGAGCTATAATAACCAAAGGTGTAAATGATTCTTCAGGATTAATTATTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TGTAAC TCAAAATCCCCTGTTGAGTTGTTAAGAGCTATAATAACCAAAGGTGTAAATGAT
>HPV1_Mu_9626063_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TTATACATAAGCTCTTTTACGACGCTTCTAAGACTAGGATGTAAC TCAAAATCCCCTGT
>HPV1_Mu_9626063_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AGACAGCCATCTGAAAAACATTATACATAAGCTCTTTTACGACGCTTCTAAGACTAGGA
>HPV1_Mu_9626063_nt5401_Genome_Tile_rc|1
CTTATTCTGCGCTGGTAACCAGACAGCCATCTGAAAAACATTATACATAAGCTCTTTTAC
>HPV1_Mu_9626063_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TGGACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGA ACTTATTCTGCGCTGGTAACC
>HPV1_Mu_9626063_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TCTGGTTACATATTCATCAGTGGACAGGATTCTAGTGATGGGCTGGGGAGGAAGATAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GCAGTAGACGTT CAGATGTTGCATGGTAGAAGAGATTGGTTCTGGTTACATATTCATCAG
>HPV1_Mu_9626063_nt5541_Genome_Tile_rc|1
GTTTGATTACTGGAGATCTCAAACAAAGGATGTCCGACCAGCAGTAGACGTT CAGATGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt5581_Genome_Tile_rc|1
AACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTACAGTTTGATTACTGGAGATCTC
>HPV1_Mu_9626063_nt5601_Genome_Tile_rc|1
TCAGCAAAACGCACCCTAAAACTCTAAATGCATTTGGTGACACTTTTGGTATAGTTACA
>HPV1_Mu_9626063_nt5621_Genome_Tile_rc|1
CAAATGCAAATCTATTTGGATCAGCAAAACGCACCCTAAAACTCTAAATGCATTTGGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt5641_Genome_Tile_rc|1
ATTAAAAATTGCCTTATCCCCAAATGCAATCTATTTGGATCAGCAAAACGCACCCTAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt5741_Genome_Tile_rc|1
ACTTATTTAAAAGAGGGTGGCCCGTTATTCCTATACCTAAAGGCTGGCCTCTACCTATCT
>HPV1_Mu_9626063_nt5781_Genome_Tile_rc|1
TGAGTATTAATATAATTGTTGGATTTTCTGCATCATCTAACTTATTTAAAAGAGGGTGG

>HPV1_Mu_9626063_nt5801_Genome_Tile_rc|1
GTCTAGAATCTCCATTTGCATGAGTATTAATATAATTTGTTGGATTTTCTGCATCATCTA
>HPV1_Mu_9626063_nt5921_Genome_Tile_rc|1
GGCAGTCCCCAAGTTTCACTTGTTCCTGGGCAACGACTACTTGTCCAGTGTTACCTG
>HPV1_Mu_9626063_nt5961_Genome_Tile_rc|1
TCACCATCTTCTATGACAGACTCTATCATTTGCACCCTGGGGCAGTCCCCAAGTTTCACT
>HPV1_Mu_9626063_nt6041_Genome_Tile_rc|1
GAACAACATCTAAAGGGACATCAGACTTGTCTTGCTGTAAAGCAGCAAAATCCATAGCCC
>HPV1_Mu_9626063_nt6081_Genome_Tile_rc|1
TGGTTCATTCTGATATAATCAGGATATTTGCATGTTGCTTGAACAACATCTAAAGGGACA
>HPV1_Mu_9626063_nt6101_Genome_Tile_rc|1
TAGAGTTGCCATAGGCTTCATGGTTCATTCTGATATAATCAGGATATTTGCATGTTGCTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6141_Genome_Tile_rc|1
TGCCTGGTATACATTTGCTCGCGACGTGCAAAAAAACATAGAGTTGCCATAGGCTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6201_Genome_Tile_rc|1
AAATACAGGCTTTGTGGGACTGCCTCCTTATCACCCACCGAACCCCCGCGAGTAAAAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6241_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTTAAATACAGGCTTTGTGGGAC
>HPV1_Mu_9626063_nt6261_Genome_Tile_rc|1
CTTGGTGTGCTACATAATTTGTTGTTGCTAAAGTTGTTCTTGGTTCAGCATCTGCTGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt6401_Genome_Tile_rc|1
ATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCCAACCTGTAATAAATAACTGGTTTCTCCAGCAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6421_Genome_Tile_rc|1
ATTGTTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTATTATCTCCAACCTGTAATAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6441_Genome_Tile_rc|1
TTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTCATACTGATAGATAAACTTGTTCCTCTGGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6461_Genome_Tile_rc|1
GAAATCATTAAATATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGCATTGTTTTTCATACTGATAG
>HPV1_Mu_9626063_nt6481_Genome_Tile_rc|1
AAATTCTTCAGTATGTCTTAGAAAATCATTAATAATTAGCATTGGAATATGTAGTACTTGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6501_Genome_Tile_rc|1
TGAACATAAAAAGAAAGATCAAATCTTCAGTATGTCTTAGAAAATCATTAATAATTAGCA
>HPV1_Mu_9626063_nt6521_Genome_Tile_rc|1
TTAACTTTACTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGATCAAATCTTCAGTATGTCTTA
>HPV1_Mu_9626063_nt6541_Genome_Tile_rc|1
GTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTACAAAGCTGAACTATAAAAAGAAAGATC
>HPV1_Mu_9626063_nt6561_Genome_Tile_rc|1
TTAGGGTCCATTGTATGAATGTAGGCTAGATTTTCGGGAGTTAACTTTACTTTACAAAGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6641_Genome_Tile_rc|1
AAGACCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGTAGGTGGTTGAGATACAGATA
>HPV1_Mu_9626063_nt6661_Genome_Tile_rc|1
TGGACATTTTGCTGCCAAGGAAGACCTAAAAACCTATATTGATCTTCTAGAGGATTGGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6701_Genome_Tile_rc|1
GACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCGCCTGTTCTGGACATTTTGCTGCCAAGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6721_Genome_Tile_rc|1
GACTTCCCAGAATTTATATTGACTATAAGGATCAGTCTGGGGCTCAGGAGGCGCCTGTTC
>HPV1_Mu_9626063_nt6741_Genome_Tile_rc|1
GACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATTGACTATAAGGATCAGTCTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6761_Genome_Tile_rc|1
GAAATTGGTCTAATTGTTTCGACATCCTTTCTGTGAGATCGACTTCCCAGAATTTATATT
>HPV1_Mu_9626063_nt6781_Genome_Tile_rc|1
TAGAAATTTCCCTTCTAGTGGAATTTGGTCTAATTGTTTCGGACATCCTTTCTGTGAGATC
>HPV1_Mu_9626063_nt6801_Genome_Tile_rc|1
TGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATTTCCCTTCTAGTGGAATTTGGTCTAATTGTTTCG
>HPV1_Mu_9626063_nt6821_Genome_Tile_rc|1

TGGAAGTAGTAGCAGTACGTTGTGTCATGCCACTTTGATATAGAAATTCCTTCCTAGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt6861_Genome_Tile_rc|1
TTGGCTGACGTAGATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGGTGGAACTAGTAGCAGTACGT
>HPV1_Mu_9626063_nt6881_Genome_Tile_rc|1
ACTAAGCCTTACGCCTGCGCTTGGCTGACGTAGATACACGCACTGTTTTGCGCTTTGTGG
>HPV1_Mu_9626063_nt6901_Genome_Tile_rc|1
TATAGTTATATATAATATATACTAAGCCTTACGCCTGCGCTTGGCTGACGTAGATACACG
>HPV1_Mu_9626063_nt6921_Genome_Tile_rc|1
ATAAATAATCTACTAATAAATATAGTTATATATAATATATACTAAGCCTTACGCCTGCGC
>HPV1_Mu_9626063_nt6961_Genome_Tile_rc|1
CTAAACAAGTATAAAAAGTATAAAAATATAAAAATATATAATAAATAATCTACTAATAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt6981_Genome_Tile_rc|1
TCTTACATGTCTATTTAGAACTAAACAAGTATAAAAAGTATAAAAATATAAAAATATATA
>HPV1_Mu_9626063_nt7001_Genome_Tile_rc|1
CCTACTTATACTAATGTAAATCTTACATGTCTATTTAGAACTAAACAAGTATAAAAAGTA
>HPV1_Mu_9626063_nt7021_Genome_Tile_rc|1
CTATTTTATGTAAATACATGCCTACTTATACTAATGTAAATCTTACATGTCTATTTAGAA
>HPV1_Mu_9626063_nt7041_Genome_Tile_rc|1
CTAATAAAAGGTTTCCAAGACTATTTTATGTAAATACATGCCTACTTATACTAATGTAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt7061_Genome_Tile_rc|1
CTATTGTAAATGATGGTTCCTAATAAAAGGTTTCCAAGACTATTTTATGTAAATACATG
>HPV1_Mu_9626063_nt7081_Genome_Tile_rc|1
GCAGATGAACTATGATGTCCTACTATTGTAAATGATGGTTCCTAATAAAAGGTTTCCAAGA
>HPV1_Mu_9626063_nt7101_Genome_Tile_rc|1
AGAACGATGGAATAGCAATTGCAGATGAACTATGATGTCCTACTATTGTAAATGATGGTTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt7121_Genome_Tile_rc|1
CACTACTGTAGAATATGTGAAGAACGATGGAATAGCAATTGCAGATGAACTATGATGTCA
>HPV1_Mu_9626063_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TAGCAATACAATCTAGAGAACACTACTGTAGAATATGTGAAGAACGATGGAATAGCAATT
>HPV1_Mu_9626063_nt7161_Genome_Tile_rc|1
TTGTTTGCCTAACAGGAAAATAGCAATACAATCTAGAGAACACTACTGTAGAATATGTGA
>HPV1_Mu_9626063_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TAAATGAAAGTGGGTTGTTTGGTCCATGTACAGATGTTGTTGTTTGCCTAACAGGAAAA
>HPV1_Mu_9626063_nt7221_Genome_Tile_rc|1
CTGGAATATATGCAGCACAATAAAATGAAAGTGGGTTGTTTGGTCCATGTACAGATGTTG
>HPV1_Mu_9626063_nt7241_Genome_Tile_rc|1
ACAAATAAATCCTCAACAATCTGGAATATATGCAGCACAATAAAATGAAAGTGGGTTGTT
>HPV1_Mu_9626063_nt7281_Genome_Tile_rc|1
ACAAAAAATGCACACTTGTGTATAATGCACCGGAGTCTAAACAAATAAATCCTCAACAAT
>HPV1_Mu_9626063_nt7321_Genome_Tile_rc|1
TGCATATTGCAGGAAAATAACACACAATCAATCAGAGAACACAAAAAATGCACACTTGTG
>HPV1_Mu_9626063_nt7341_Genome_Tile_rc|1
AAAGGACAGCTCACTTTTATTGCATATTGCAGGAAAATAACACACAATCAATCAGAGAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TAGGGATTTTTATTGGAGTAGGGAGGGATTAACAAAAGAAAGGACAGCTCACTTTTAT
>HPV1_Mu_9626063_nt7401_Genome_Tile_rc|1
GCACAAACAGATTTTAGGGGTAGGGATTTTTATTGGAGTAGGGAGGGATTAACAAAAG
>HPV1_Mu_9626063_nt7481_Genome_Tile_rc|1
ATACCATAAGGGATTAGCCACAACGGGTGCGGTGTTAATAGTACTTATTATATAAAAGAG
>HPV1_Mu_9626063_nt7501_Genome_Tile_rc|1
CTGTAGGTGTAGTCTTTTAAATACCATAAGGGATTAGCCACAACGGGTGCGGTGTTAATA
>HPV1_Mu_9626063_nt7521_Genome_Tile_rc|1
AACAAATGAAGACAATACATCCTGTAGGTGTAGTCTTTTAAATACCATAAGGGATTAGCCA
>HPV1_Mu_9626063_nt7581_Genome_Tile_rc|1
CCTAACCGCGGTTGGCAAACCGTCTTTGGGCAAACCGTCTTTGGAGCGCGGTAAACCATA

>HPV1_Mu_9626063_nt7601_Genome_Tile_rc|1
GGCAGCAAATTTGAAACAAGTCCTAACCGCGGTTGGCAAACCGTCTTTGGGCAAACCGTCT
>HPV1_Mu_9626063_nt7621_Genome_Tile_rc|1
GAGCACGACCAGATAAGTTTTGGCAGCAAATTTGAAACAAGTCCTAACCGCGGTTGGCAAAC
>HPV1_Mu_9626063_nt7661_Genome_Tile_rc|1
ACACACCTACCGTTTTAGGTGCTTGGCAGGAAACCCGTTGGAGCACGACCAGATAAGTTT
>HPV1_Mu_9626063_nt7681_Genome_Tile_rc|1
TGTTAATTCTTGAAAAGAGTACACACCTACCGTTTTAGGTGCTTGGCAGGAAACCCGTTG
>HPV2_Alpha_9626032_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TGAAATGTATTGGACCATATGTTTATACAAGCATGTAGGATTATACAAATGCAGACATAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4061_Genome_Tile_rc|1
AGCAGCAACGTATGGCGAAATAATAACGACTATGGTAAAAACAAAAGGCCTGCACATAT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4081_Genome_Tile_rc|1
ATAGACTATGTATACAAGCTAGCAGCAACGTATGGCGAAATAATAACGACTATGGTAAAA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AAATCTCACACAATGGGTATATAGACTATGTATACAAGCTAGCAGCAACGTATGGCGAAA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4321_Genome_Tile_rc|1
AGCAAATACAAAAAAACACAAATGTATCAAAATGAAAATGTATCAAAACAATATAAAAA
>HPV2_Alpha_9626032_nt4621_Genome_Tile_rc|1
ATGATAACAGGCGCGCTGGGCGTTGGACCAATGTCAACTACAGTGGTGGGTCGCGAACCT
>HPV2_Alpha_9626032_nt4981_Genome_Tile_rc|1
CTACTGATAGGCTCTGTACCGCTGCCCCCGACGTGGCAAACGTCTGCATTGGTATTTCC
>HPV2_Alpha_9626032_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CCGCGAGGGGCGGCGGGTAACCTCATCAAGCAATGGCTGAAGGACATCCGAATCAGCATAA
>HPV2_Alpha_9626032_nt7201_Genome_Tile_rc|1
GTTTTCTGTTTACTAGTGGGCGGCGTGGTCCCCGAAACAGCGGCGCGCTTGCAGACACGG
>HPV2_Alpha_9626032_nt7301_Genome_Tile_rc|1
ATAAGCACAAACAACATAAACATATTACAGACAACAAAATAATATGTAAAAAGTAGAA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt0181_Genome_Tile_rc|1
TAGGTTTCTGTTGGTCTGGTGTAGTCTGCTGAGCCATTTGTCCCAATCACAGTTGCAAAA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt0481_Genome_Tile_rc|1
TGATTTTCAATTCAAATATTGACTTTCTCTGTAGCTAGCTCTATATCTCTACCTAAAACCTG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt0521_Genome_Tile_rc|1
TTTTCAATGGTGTCTCAAAATGATAAGCAAGTCTGACACCTGATTTTCAATTCAAATATT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TGCCTTCGGCTGGAGGTACTTCTGGGATTGTGATCTGGATTCTGACCTCCGACTCCTAGT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CTACAGCTCCTACTTCCTCTTTTCCCCCTCTGTCTCTCCCTCCCCGTTGTGACCGTTGGGAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CTGTTCCCCTACCGCACCCCCTACAGCTCCTACTTCCTCTTTCCCCCTCTGTCTCTCCCTC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ATAAAAAAGTAAAAAATGTTAAACTATACTATTTCTGTAATGTTAGTGGTGTAGTAGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt4781_Genome_Tile_rc|1
GTATGGCACTTGAGCCTCTGCTGGTGGTCACAACAGGCGAGTCAACTATGGGACCTTCAG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5081_Genome_Tile_rc|1
GCCCCCTACGCCTGCCAATGGATAGTGCTCTTTGAAGTGGTGTGCTACTGCGCCGTGGTG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5101_Genome_Tile_rc|1
CCTTCTATTGTAGAGAAGGCCCCCTACGCCCTGCCAATGGATAGTGCTCTTTGAAGTGG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TACTAATTTGGATGGTCGAGAAACAAATAAAGGATTGTCTACTTGTACTTGCTGAACATA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5181_Genome_Tile_rc|1
GGATTATCAAAAAGCAAACCTTACTAATTTGGATGGTCGAGAAACAAATAAAGGATTGTCT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5301_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGTTGAGTATTGGGGTCGTCCAGTTTGCGAATGTCTAAAAAATCCCTATCAGGG
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5321_Genome_Tile_rc|1

TTACCCTAACATAACCTGCAGGTGTTGTTGAGTATTGGGGTCGTCCCAGTTTGCGAATGT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ATTTTCTGCTGTATCCATGTCTATGAACGTACTTTCCACAGTACCTTGTATGATGGTCGC
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5541_Genome_Tile_rc|1
TCAATACTCTCAGACAAAGGATTTTCTGCTGTATCCATGTCTATGAACGTACTTTCCACA
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5781_Genome_Tile_rc|1
TGGGTATGAATGACCACCACGGGAATGTCTGGTGTAGGATAAATTATTTCTGCAGTATCT
>HPVRTRX7_Unclassified_30315616_nt5801_Genome_Tile_rc|1
AAAAGTCACCACTGCTATCATGGGTATGAATGACCACCACGGGAATGTCTGGTGTAGGAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GCCTTAGTTTCCCGGCTGCTTCCAGACACGCAGGACATGCTGCAAATGGAAAATGCTTTC
>HPV90_Alpha_22138122_nt0861_Genome_Tile_rc|1
GTCCATCCCCGGGATGCCTACTATTATCAATAAAATCAACCATGTCTGTCCGCTGTCAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt1261_Genome_Tile_rc|1
TTACTTGTTTTAAGCAGAGACAGGATAGCATCTGTACCTGATTGTGCCGGTGTGTAAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt2061_Genome_Tile_rc|1
TTGGTATGCCTTTTAAAAAGTTTTCAGCGATATTACAAAGGTAATAAACTCTATGTCGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt3641_Genome_Tile_rc|1
AAGGTTATGGTTGATAGGAAGGTTGCCCTTGTTCGCACTATCATGCCACAGGGTTACA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3661_Genome_Tile_rc|1
CTGCTTCAATGTCTTTAGGTAAGGTTATGGTTGATAGGAAGGTTGCCCTTGTTCGCGAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt3681_Genome_Tile_rc|1
CATAGTCATGTACCCCAGTACTGCTTCAATGTCTTTAGGTAAGGTTATGGTTGATAGGAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3721_Genome_Tile_rc|1
AGTTTACATATATTTACAATATACCAGTATATTATGCTAACATAGTCATGTACCCCAGTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TAACGTTCCGCACTGTACACAGTTTACATATATTTACAATATACCAGTATATTATGCTAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TGTATACAACAGATGTCCCTTAACGTTCCGCACTGTACACAGTTTACATATATTTACAAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt3821_Genome_Tile_rc|1
AGATTAGTATTAGCAGCAGTTGTGTCCAGGCAGACAAGTAGCAAATAAAGGCTCCACAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt3841_Genome_Tile_rc|1
AAGGATAGACAGCCAAAAGAAGATTAGTATTAGCAGCAGTTGTGTCCAGGCAGACAAGTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt3901_Genome_Tile_rc|1
TATGATCAGGAGGCCTAGAAACACAGTAAGGAATACAATAAGAAAAGCAGTAACGCCAGG
>HPV90_Alpha_22138122_nt4061_Genome_Tile_rc|1
ACTACAGGATATTCCCCCATCTCTATCACGTACTACAACAGGATACATACTACTATTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AGGTAACACTGCAACAGACGCAGGTAAAAAATAAACAAAATAAGACACACGAAAAGCAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt4181_Genome_Tile_rc|1
ACATATAGGTACAATGGGTAAGGTAACACTGCAACAGACGCAGGTAAAAAATAAACAAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt4201_Genome_Tile_rc|1
ACATACACTGTGTATACAATACATATAGGTACAATGGGTAAGGTAACACTGCAACAGAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt4221_Genome_Tile_rc|1
CAAACCCACTACATGTGTCTACATACACTGTGTATACAATACATATAGGTACAATGGGTA
>HPV90_Alpha_22138122_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TATAATGAATACCCACACCCAATAAATGTATGACACCCACAAACCCACTACATGTGTCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt4281_Genome_Tile_rc|1
AAAACACCAACCACACCCTATAATGAATACCCACACCCAATAAATGTATGACACCCA
>HPV90_Alpha_22138122_nt4481_Genome_Tile_rc|1
ATTGCAGGATTTGTCTGCAAGTGTGGTGTGTTCCACCTTATTGATCACATCGGAGGGAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt4701_Genome_Tile_rc|1
TGGGGAGAGCCCGATGCAATTATGCTGGAATCCTCCACCAATGTGACAATAGAAGGATCG
>HPV90_Alpha_22138122_nt5081_Genome_Tile_rc|1
CAGGCTGTGATAAAAACCTGGGGTCTGTACATGTACTTGTGGTATGCCCTGCTGTACA

>HPV90_Alpha_22138122_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GTCATAGGTAACAAGTGTTCAGGCTGTGATAAAACCTGGGGTCCTGTACATGTACTTG
>HPV90_Alpha_22138122_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GACCTGATGAATACTAGGATGCTCAAATAGTATGGTTTCCTCTGTGTCAAATACAGGATT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AAAGGTTGCATTTCCAGCTCGTCAGCAACAGGTGCAATAGGGCTTAAATCCTGATAAAAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AATCAGGAGTGTCAGAAACCAAAGGTTGCATTTCCAGCTCGTCAGCAACAGGTGCAATAG
>HPV90_Alpha_22138122_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GGAGGGGCGTGTAGGGGTCAAGGTGCGGTGACGGGACACAGAAGCAGTGTCAGCATATAT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GATGGAGCCTGTAAAGGTGTGGAGGGGCGTGTAGGGGTCAAGGTGCGGTGACGGGACACA
>HPV90_Alpha_22138122_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ATTGGATGCTGCAGATGATAGGGCAGACGATGCAGTCACTGATGGAGCCTGTAAAGGTGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5541_Genome_Tile_rc|1
GTAGATAGAGGCACAGTGGTATTGGATGCTGCAGATGATAGGGCAGACGATGCAGTCACT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5561_Genome_Tile_rc|1
AGACAGGAATATCCAGGCCTGTAGATAGAGGCACAGTGGTATTGGATGCTGCAGATGATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt5581_Genome_Tile_rc|1
GGCACTGTCAGGCCCACTAAAGACAGGAATATCCAGGCCTGTAGATAGAGGCACAGTGGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt5701_Genome_Tile_rc|1
TTTAGGTAGCAAACCTAATGGGGGCAACAAATAATATGTGGACCCATTTACAAGAACAGA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6261_Genome_Tile_rc|1
TGCATGGGGTACCCTTTGCCCAGTGCTCGCCTAAAGGAGGTTTGACCCCTATAATAAATA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6301_Genome_Tile_rc|1
TCTATAGGAGGGCAATCCCCAGCCTGTACATTAGACATATTGCATGGGGTACCCTTTGCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt6561_Genome_Tile_rc|1
CAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCTGTTATAAAAGTGCCTTATAA
>HPV90_Alpha_22138122_nt6581_Genome_Tile_rc|1
AGAAGATGTTCCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCGTCGCCCATAGTACCTGCTCT
>HPV90_Alpha_22138122_nt6601_Genome_Tile_rc|1
GTAGGAGTGCCACGAGAGGTAGAAGATGTTCCCTTTTAGCACAAAGCCATCGGGAATTGCG
>HPV90_Alpha_22138122_nt7261_Genome_Tile_rc|1
ACATAACATGCTTAGGAACGTTTGGACCGTTTACGTTTTGTAGAGGGGGCGGTAGAGGGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt7321_Genome_Tile_rc|1
CACAACAGTACAAGGAACCCGTGTACAGACACAGTAAACATCAGCATACAACAGACACAC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7501_Genome_Tile_rc|1
GGTATTAAAGGCTAGGGGACGGCCGGGTACATACAGGACACCACACATATATGTTATGT
>HPV90_Alpha_22138122_nt7701_Genome_Tile_rc|1
ATTTATTGGAGTGTGAGTAACACAGACAAATAAATATTGTGAAAGAAATGTATAGCTGGCC
>HPV90_Alpha_22138122_nt7821_Genome_Tile_rc|1
CATGTTTGAAGTTGTACAGTAGGATTTACAAGACACATTGTTGAATAGAAAAGCAAATTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0061_Genome_Tile_rc|1
GGGGTTTCAGTAGCAGACATTGCCCCCAAATAACTGTTTTCTACAACCGCTTTTATATGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0141_Genome_Tile_rc|1
GGCACAAGGAAGTTGCAAACCTATGCATAGGAATATTGCATACCTTGCACAAATCAGCTAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0161_Genome_Tile_rc|1
CACACCGTCTTCTTGCAAAAGGCACAAGGAAGTTGCAAACCTATGCATAGGAATATTGCAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0181_Genome_Tile_rc|1
ATGCATAAATCTCTGCTGTACACACCGTCTTCTTGCAAAAGGCACAAGGAAGTTGCAAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0201_Genome_Tile_rc|1
AAATAGGTCCCTTATATTGAAATGCATAAATCTCTGCTGTACACACCGTCTTCTTGCAAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0221_Genome_Tile_rc|1
AAGCCGTGCTCCACACCACAAATAGGTCCCTTATATTGAAATGCATAAATCTCTGCTGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0281_Genome_Tile_rc|1

TGCCTTCTATAATTTATTTGCCCGTGCAGTTCTAGGCACAGTGCACATGCAGCATGTGGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0321_Genome_Tile_rc|1
CTCTTGTTCCACTGTTTCCCACAGGCACGCACGGTCGCGATGCCTTCTATAATTTATTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0441_Genome_Tile_rc|1
ATAGCCTCTAACACAGTGAATCGCCTGTTGTAATCTACGTGCCGTTGCTTTTCCACGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TG TAGACACCTACCCTTCCAATAGCCTCTAACACAGTGAATCGCCTGTTGTAATCTACG
>HPV54_Alpha_9628437_nt0481_Genome_Tile_rc|1
TGCATTATGGCTTCCAGCAATGTAGACACCTACCCTTCCAATAGCCTCTAACACAGTGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0541_Genome_Tile_rc|1
AGGTCAAACGGTTCTGGTTTTAAATCAAGGACTATATCCTCAATTGTAGCCACATTTCCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0561_Genome_Tile_rc|1
CTAATTGCTCCCTGCAGTACAGGTCAAACGGTTCTGGTTTTAAATCAAGGACTATATCCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0621_Genome_Tile_rc|1
CCTTAAATGCTTGTGTTGTGTCAGGTTGTGTTACTGCTGTCTCATCTTCTGCATCAGAGTCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0641_Genome_Tile_rc|1
ACCTCCACACTGGCTTAACACCTTAAATGCTTGTGTTGTGTCAGGTTGTGTTACTGCTGTCTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0661_Genome_Tile_rc|1
CGTACTGTCTTACAACACACACCTCCACACTGGCTTAACACCTTAAATGCTTGTGTTGTCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0681_Genome_Tile_rc|1
GCGTGCTATACACACATAGCCGTACTGTCTTACAACACACACCTCCACACTGGCTTAACA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0701_Genome_Tile_rc|1
CAGTACCCTTATGCCTGTGTGCGTGCTATACACACATAGCCGTACTGTCTTACAACACAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0721_Genome_Tile_rc|1
TCCTGATGAAGCAGTTCCTGCAGTACCCTTATGCCTGTGTGCGTGCTATACACACATAGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt0741_Genome_Tile_rc|1
GACACACTATTTGCAGTGCCTGCTGATGAAGCAGTTCCTGCAGTACCCTTATGCCTGTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt0961_Genome_Tile_rc|1
GTGGATTTTCCTGCCCTCTACCTGTGACACACTATTATCAATAAAGTCCACCATATCAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt0981_Genome_Tile_rc|1
TTGGGCATGTAACAATGCCTGTGGATTTTCCTGCCCTCTACCTGTGACACACTATTATC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TCTACATCTGCCTGCAGCTGTTGGGCATGTAACAATGCCTGTGGATTTTCCTGCCCTCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1021_Genome_Tile_rc|1
GTTTTAATTGTTGCACTGCCTCTACATCTGCCTGCAGCTGTTGGGCATGTAACAATGCCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1101_Genome_Tile_rc|1
TAGCCGGGGGCTTAGGTCCTTTTCTACACAGGGTTCGCTGTTTGCAACAGGACTTACATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1121_Genome_Tile_rc|1
CGTCCTAGGGATATAGCCCCTAGCCGGGGGCTTAGGTCCTTTTCTACACAGGGTTCGCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1161_Genome_Tile_rc|1
GGCCTTATCAAACAGCCGTCGTTTGGCTTTGGCTGACCGCCGTCCTAGGGATATAGCCCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1221_Genome_Tile_rc|1
CCCCTCGGTATTTACCTCCACCGCAGCTTCCACGTCAGTATGGCCATTTGGCGGCGGTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1241_Genome_Tile_rc|1
TCTGTCTCTGTTTCATCTGTCCCTCGGTATTTACCTCCACCGCAGCTTCCACGTCAGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1261_Genome_Tile_rc|1
CAGATACTGTCTGCACCTGGTCTGTCTCTGTTTCATCTGTCCCTCGGTATTTACCTCCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1281_Genome_Tile_rc|1
GCTATCTGTAGTTGTTTCCCCAGATACTGTCTGCACCTGGTCTGTCTCTGTTTCATCTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1321_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTTATGTATTAATTCTGTAATTTGCTGCCTTCCTAGGCTATCTGTAGTTGTTTCCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1341_Genome_Tile_rc|1
AAACAATGCTACACGAATATTTGTGTTATGTATTAATTCTGTAATTTGCTGCCTTCCTAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TATAGGTCTTTAAACATACCAAACAATGCTACACGAATATTTGTGTTATGTATTAATTCT

>HPV54_Alpha_9628437_nt1381_Genome_Tile_rc|1
GGTCCATAAACTTAATCCATATAGGTCTTTAAACATACCAAACAATGCTACACGAATAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1521_Genome_Tile_rc|1
TGTTAGCCATTGGATATGGCCATACAAACAATGTGGCTCTAGCAATGTTTAAATCCATC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1601_Genome_Tile_rc|1
CCTAAACATTTACTTACTGTTAATCTGTTTTTGCCACATTTAAATCTTGTTAATAATAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1641_Genome_Tile_rc|1
ATCTATTAACATTTGGGTTTTCTGGTATATTTAATAACATTCCTAAACATTTACTTACTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt1761_Genome_Tile_rc|1
ATATTCAATTACAGTTTGTCTGGCCAGCCATTCCGGGGGTGTACCAAATATTTCACTTGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt1801_Genome_Tile_rc|1
GTACCATTTTAGATAAATCAAACCTGGCTGTCTGCTAAGCTATATTCAATTACAGTTTGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt1881_Genome_Tile_rc|1
ATTTTCATCTATATCAGCTAATTTAGCATATTCAGGGCAATAATACTGTCATCAATATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt1901_Genome_Tile_rc|1
CTTCCTAGAAAGGCAGCCGATTTTCATCTATATCAGCTAATTTAGCATATTCAGGGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2041_Genome_Tile_rc|1
TTTCCTTCCACTCACCTTCCTCCTCTACTAAATCACAACGATGTTTAATCCATTGTGACA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2081_Genome_Tile_rc|1
GATATAAAATCCACATGTTGATATCTAAGGAATCGTACTATTTCCCTTCCACTCACCTTCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt2101_Genome_Tile_rc|1
GTTTTAATGCTATCATAAAAGATATAAAATCCACATGTTGATATCTAAGGAATCGTACTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2121_Genome_Tile_rc|1
TGGTATGCCCTTGTAATAATGTTTTAATGCTATCATAAAAGATATAAAATCCACATGTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2221_Genome_Tile_rc|1
CATATGATAGCACTACACCTCCTAAAAAGCTAATTAACTCATGGCAAAATTAGATTTTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt2421_Genome_Tile_rc|1
TATGTTGGAGGTCACTATTAGTGGAGGACATTTTGTGTTGCACCATAGCTCGATGTTTTCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2441_Genome_Tile_rc|1
CTGTGCTGTACTAGCATTTATGTTGGAGGTCACTATTAGTGGAGGACATTTTGTGTTGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt2461_Genome_Tile_rc|1
TACTGTGTAGGTAGCGCCATCTGTGCTGTACTAGCATTTATGTTGGAGGTCACTATTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2501_Genome_Tile_rc|1
TCAAATGGAAATCTATTGGGAAAACAAAACATTTTACTCTACTGTGTAGGTAGCGCCAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2521_Genome_Tile_rc|1
ACACAGGGTTTCCATTACTATCAAATGGAAATCTATTGGGAAAACAAAACATTTTACTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt2541_Genome_Tile_rc|1
ATTTTTATTACTTAAATCATACACAGGGTTTCCATTACTATCAAATGGAAATCTATTGGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt2561_Genome_Tile_rc|1
CTTTTAAAGAATGATTTCCAATTTTATTACTTAAATCATACACAGGGTTTCCATTACTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2581_Genome_Tile_rc|1
GCGCTAAACGTGACCATGACCTTTTAAAGAATGATTTCCAATTTTATTACTTAAATCAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2601_Genome_Tile_rc|1
CTCGTTATCGTTGTCGTTTCAGCGCTAAACGTGACCATGACCTTTTAAAGAATGATTTCCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt2741_Genome_Tile_rc|1
ATTGCAATGCACACTCCAGGCGTATGCATTTCCAATGTTCTATTTGGTCCTCTAGTTTAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2881_Genome_Tile_rc|1
TTCGGTGCTGTATACTGTCTTTTGCAATGTCTCTAATGCAAGTTGCAGTTCAATGGCCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2961_Genome_Tile_rc|1
ACTGTTTGTCCACGTCTTTTTAAGCAACCAGTTGGTGGTGCATTCCACCGTTCCAGGCAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt2981_Genome_Tile_rc|1
GCCCATCAAATATAACATCTACTGTTTGTCCACGTCTTTTAAAGCAACCAGTTGGTGGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3001_Genome_Tile_rc|1
TTGCATTGTGTTATCCTGATGCCCATCAAATATAACATCTACTGTTTGTCCACGTCTTTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3021_Genome_Tile_rc|1

ATATCTCCCCACATTACATATTGCATTGTGTTATCCTGATGCCCATCAAATATAACATCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3041_Genome_Tile_rc|1
CATCACAGTTTTTGATAATAAATATCTCCCCACATTACATATTGCATTGTGTTATCCTGAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3061_Genome_Tile_rc|1
CACCTTAGTCCATCCCTCCCCATCACAGTTTTTGATAATAAATATCTCCCCACATTACATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3081_Genome_Tile_rc|1
ATTGCATCTATATTACTGCACACCTTAGTCCATCCCTCCCCATCACAGTTTTTGATAATAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3101_Genome_Tile_rc|1
CATCCATATAATAAATACCCATTGCATCTATATTACTGCACACCTTAGTCCATCCCTCCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3121_Genome_Tile_rc|1
ATAATACACTTTGTGTTCTGCATCCATATAATAAATACCCATTGCATCTATATTACTGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3141_Genome_Tile_rc|1
GCTTCCTTTTTTAAAATCCACATAATACACTTTGTGTTCTGCATCCATATAATAAATACCC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3161_Genome_Tile_rc|1
CATATTCCCCATACTTAGATGCTTCCTTTTTTAAAATCCACATAATACACTTTGTGTTCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3181_Genome_Tile_rc|1
CATACGCACCTCCCACTGTCCATATTCCCATACTTAGATGCTTCCTTTTTTAAAATCCAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3201_Genome_Tile_rc|1
GAAAAAATGATGCTGCTGCCCATACGCACCTCCCACTGTCCATATTCCCCATACTTAGAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3281_Genome_Tile_rc|1
AATTGGCTGGTCTGGTGTGTTTCAGCAGTGCCAGTAGAGGATATTGACAATGCCTCTTCGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3321_Genome_Tile_rc|1
CACGGGATTGCTTTTTGTGGAGTTGTTCGGTACGTGGTGTGGAATTGGCTGGTCTGGTGTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3341_Genome_Tile_rc|1
GTTTTCTAGGCGGCGGCGTGCACGGGATTGCTTTTTGTGGAGTTGTTCGGTACGTGGTGTGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3401_Genome_Tile_rc|1
CACAGCCACGGGGTCTGAGGTGCTGTGTGGTTGCTGGTCTGTGCTGTAGACTCTAGCTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3441_Genome_Tile_rc|1
TGGTTCTTGTGTTATCGTCACTGATGTGCCTGTCGTTGTCACAGCCACGGGGTCTGAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CACTACTGTGTGCCGTCCTTGTTCTTGTGTTATCGTCACTGATGTGCCTGTCGTTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3541_Genome_Tile_rc|1
TTTATACTTTTGTATTCTTTGCCTAAAACATTTTAAATGTATTAGGTTACCTTTAAAGTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3621_Genome_Tile_rc|1
AATGTTACAATGCCCTATTCTTAGTGGTACCTGGTACACATGCCCAATGCCATGTTGAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt3641_Genome_Tile_rc|1
GTTCTACACTACTATAGGTTAATGTTACAATGCCCTATTCTTAGTGGTACCTGGTACAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3661_Genome_Tile_rc|1
TACTAAAAATTGTTGCCTTTGTTCTACACTACTATAGGTTAATGTTACAATGCCCTATT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3681_Genome_Tile_rc|1
CTAGGTGGAATGCGAACAGTTACTAAAAATTGTTGCCTTTGTTCTACACTACTATAGGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3701_Genome_Tile_rc|1
CCCCTAATGACATAGATATACTAGGTGGAATGCGAACAGTTACTAAAAATTGTTGCCTTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt3741_Genome_Tile_rc|1
ATCACAACTTTACAATGATTATCTGTTATAATGACATTACCCCTAATGACATAGATATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TTTACAATATAGTATGTACAATCACAACTTTACAATGATTATCTGTTATAATGACATTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TACACTACACACACCTACACACACCTCACCTCAGTCACTGCAGGCCTGCATGCACTCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3901_Genome_Tile_rc|1
TATACAACATTATTACTGCATACACTACACACACCTACACACACCTCACCTCAGTCAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt3941_Genome_Tile_rc|1
AACATGGATAATAAAAACCAACATGTTAACCAACTTACTGTATACAACATTATTACTGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TTGTAATACATTGCCATAATAACATGGATAATAAAAACCAACATGTTAACCAACTTACTG

>HPV54_Alpha_9628437_nt3981_Genome_Tile_rc|1
AAGAAAAAAGTAAATGCTGTTGTAATACATTGCCATAATAACATGGATAATAAAAAACCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CACAAATAGAATAAAGGCTACAAGAAAAAAGTAAATGCTGTTGTAATACATTGCCATAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AAACACACAGGGCAGGTACCCACAATAGAATAAAGGCTACAAGAAAAAAGTAAATGCTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4041_Genome_Tile_rc|1
AAGCCTGGCAAGGCGCACATAAACACACAGGGCAGGTACCCACAATAGAATAAAGGCTAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4061_Genome_Tile_rc|1
AAGTGAAGGTCAAGTTCAGAAGCCTGGCAAGGCGCACATAAACACACAGGGCAGGTACC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AGGGCATCCACAGTAGGTGTGCACAGTAACACCTTATGTAAAGTGAAGGTCAAGTTCAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4121_Genome_Tile_rc|1
CTATGGTAAGCAGGTTACACAGGGCATCCACAGTAGGTGTGCACAGTAACACCTTATGTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4141_Genome_Tile_rc|1
TCTACACAATATTTATTATACTATGGTAAGCAGGTTACACAGGGCATCCACAGTAGGTGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AGCCATAATACACAAATATATCTACACAATATTTATTATACTATGGTAAGCAGGTTACAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4401_Genome_Tile_rc|1
TTCAAGGGTAGTAGAGGGTCGTCCAAGTGGTATATACCCTGTGCGGCCCCCTGTGCCACT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4421_Genome_Tile_rc|1
GGACGTACAGGAGGACCTGGTTCAAGGGTAGTAGAGGGTCGTCCAAGTGGTATATACCCT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4461_Genome_Tile_rc|1
GGAAGGGTCAGAGGGTGCTACTGTTTCTACAGCCCCTGCGGGACGTACAGGAGGACCTGG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4521_Genome_Tile_rc|1
AATGGTAGGGGTGGTGCCCCAACATCCACAACACTAGATTCCTCTACTAAAGACACAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4621_Genome_Tile_rc|1
ATGTTATAGACACCCTAATAGGGGTGGTAGTGGAGGTGACATCTAATATAGCAGGGGTAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4641_Genome_Tile_rc|1
ATATATAGGATTATCATGGGATGTTATAGACACCCTAATAGGGGTGGTAGTGGAGGTGAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt4661_Genome_Tile_rc|1
TCTAATAATGATGGCTCTGTATATATAGGATTATCATGGGATGTTATAGACACCCTAATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GTATATTTTCAGCAGTGGACGATTGCAAAGTAGAGGTAGATACTAAAACACGACCATCCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4761_Genome_Tile_rc|1
AATTATAAAAGTGTCCATAGGTATATTTTCAGCAGTGGACGATTGCAAAGTAGAGGTAGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt4801_Genome_Tile_rc|1
GTATAGGTGTGCTAGTTGTTGTGCCTATATGGTCCTGCATAATTATAAAAGTGTCCATAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt4841_Genome_Tile_rc|1
CGGGAATATAAACCTAAGCGTGGGCGTGACAGGCGCCTTGGTATAGGTGTGCTAGTTGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt4901_Genome_Tile_rc|1
ATAAGACTGGAAGGCTGTTGTAAAAAGGCAGGGTCCTGTACAGGCACTTGCTGTAACGCA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5081_Genome_Tile_rc|1
TGTAATGTGGCCCTGTCGCCCACCCTACTATAACGTACAACCCCCCTACGAGTTGTAAGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TTTCCTCAGGGACATGAGCAATAGGGCTTAAGTCCTGAAAAAATGCACACGAGGTTTAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TATTAAAGGGTGTAATTCTATTTCCCTCAGGGACATGAGCAATAGGGCTTAAGTCCTGAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5221_Genome_Tile_rc|1
CTGAGTAAAGACCATTGTTAATGCTTGTATTGTTTGCAGATATTAAAGGGTGTAATTCTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TAGAAGAGGAAAAACCACCAGTGTGACGAAAAATCTGTGTCAGCATATACATCATATATAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt5341_Genome_Tile_rc|1
CATACTGAGATGGTATAGATGTAGTTTGTAGGGCTGTTTGTACAGAACTATGTGAAACAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt5381_Genome_Tile_rc|1

GTATATGGCGATGAGGCAGTTAGGGGAACTGTGGTGTACCATACTGAGATGGTATAGAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GGACGTGCGGGAACAAATGGGGTGTGACCTGATGAGGGCCTAAAGGATGTGGGTATAGGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TAACTAGGATGCAGGTAAAAATCCCCACCATTAACAGCAATGGGTGTTTGTGGAAATATA
>HPV54_Alpha_9628437_nt6221_Genome_Tile_rc|1
AGGTAGCTACATCAAGGGGTACCTCACTTTTTGAGGTTTGTAGGGTTTTAAATCCATAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6241_Genome_Tile_rc|1
ATCAGGATATTTACAAATTGAGGTAGCTACATCAAGGGGTACCTCACTTTTTGAGGTTTG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6421_Genome_Tile_rc|1
AGGAGTTGCAGCATAAATAGAACTGTCAAGGTTACCTGAGGATTTCTTAATGTATAAGTC
>HPV54_Alpha_9628437_nt6621_Genome_Tile_rc|1
TACTCCCTAAAGTCAGAATTATTAAAGCTATCCTGCGTGGATGCTGTAGCACACAATGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt6801_Genome_Tile_rc|1
GACTGTACAAACCTATATGTGTCTCCAACTACTTGTAGCTGGGGGGTTATACCAAAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt6921_Genome_Tile_rc|1
AACTGGTCAAGGTCAGATGAAAATCGTTCCTTAAGGTCAACAGTCCAAAAATTAAATTTA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7021_Genome_Tile_rc|1
CGCTGTACCCTTAGAGGAGGAAGGGGCTGCACGCTTTACAGGCCGAAGGCGCGGACGTGC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7101_Genome_Tile_rc|1
ACACAGACAAGGTACAAACACAACAACACATAACAACACAACATACAACACTGTTACCTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7181_Genome_Tile_rc|1
CAACATATATAACATACGAGTCACAACATAAATAGGACACACAAACATTCCACACATAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7201_Genome_Tile_rc|1
ATATAATACAGGAAAACATACAACATATATAACATACGAGTCACAACATAAATAGGACAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7281_Genome_Tile_rc|1
AAAAGGTAAAGGCTACTAAGCACGTAGCAAACAACATCACACAAAAGTTACTCATAGGGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7301_Genome_Tile_rc|1
CAAAATGGACACCAAAGGTGAAAAGGTAAAGGCTACTAAGCACGTAGCAAACAACATCAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7401_Genome_Tile_rc|1
GCGCCCAAAAGATTAGATGTACGATACAAAGTGCTTAAAACACAGTTTGTAGTCCAAACAG
>HPV54_Alpha_9628437_nt7421_Genome_Tile_rc|1
TACCAGGGCAGGATGTGGCGGCGCCCAAAAGATTAGATGTACGATACAAAGTGCTTAAAA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7441_Genome_Tile_rc|1
TGCAGATGTGCTGGCAAACCTACCAGGGCAGGATGTGGCGGCGCCCAAAAGATTAGATGT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7481_Genome_Tile_rc|1
GGAAAGTGAAGTTGTTCTGACAGTTATAAATGTGTGGGTGTGCAGATGTGCTGGCAAAC
>HPV54_Alpha_9628437_nt7521_Genome_Tile_rc|1
AAATCAATGTTGGAATGCAAAGGGCGTGTTTTACACAATGGAAAGTGAAGTTGTTCTGA
>HPV54_Alpha_9628437_nt7541_Genome_Tile_rc|1
TTATTATGTAAAAAATATATAAATCAATGTTGGAATGCAAAGGGCGTGTTTTACACAAT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7601_Genome_Tile_rc|1
GTTTGCCAACTATGCACTTACTAAGTTTACACAGCTAAAATATGTGCCTACTAGCATGTT
>HPV54_Alpha_9628437_nt7661_Genome_Tile_rc|1
TCGGTTTCTCTGAATTAGTCACTGTTGTACAGACACGTACCTGGCATAACCTATGTTTTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CAAATAACTGACGATCCATGGATGTCCTGGGTGTTGTACACAGTGCCTTTATATGTACCG
>HPV53_Alpha_9627377_nt0121_Genome_Tile_rc|1
ATGGTTTATTACAACTTCACATAGCTGGTGCAATGTACGTGGTCGCTCTTCTGTATTTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt0341_Genome_Tile_rc|1
AACTTTTTTTTAGTTAGTGCTTCCAGGCTAGCCCCGTACACTGAACAATTGTAATATCTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt0561_Genome_Tile_rc|1
GTGGTATAAGTTCTATAATATATTGTGGAAGTGTGGTACGTTACCGTGCATGATTATAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt0941_Genome_Tile_rc|1
CTGTTTCATCTTCAGATATTACATCCCCGTACGTTTTTTTTACTATTGCCTCCACGTGAA

>HPV53_Alpha_9627377_nt0961_Genome_Tile_rc|1
AGATTCGGTGCTTTCCTCGTCTGTTTCATCTTCAGATATTACATCCCCGTACGTTTTTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt0981_Genome_Tile_rc|1
TCTATAAACCCATCCAAATCAGATTCGGTGCTTTCCTCGTCTGTTTCATCTTCAGATATT
>HPV53_Alpha_9627377_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TAGATATTATATTACTATTGTCTATAAACCCATCCAAATCAGATTCGGTGCTTTCCTCGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt1381_Genome_Tile_rc|1
ATATCTTGTATTTGTTGCAGTGGCATTATATCCTGTCTATCCACATCCATATCACTTCCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt1801_Genome_Tile_rc|1
TGGTGTACTCCCATACACGTCACTAATGTTGGATATAGATGTTTTATAAAAAGTATAATGC
>HPV53_Alpha_9627377_nt2101_Genome_Tile_rc|1
CCCACCATCATCCACCTTGCTACATACATGCTTTATCCATTGTTTCATATTCATCTGTTG
>HPV53_Alpha_9627377_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TACGTTTTATGGCCGTCATGTATATAATATATGCCCTCATAGCTTACTGCAGAAGACACT
>HPV53_Alpha_9627377_nt3201_Genome_Tile_rc|1
CGTCTTTAAAGTTTGTATAATACGTTTTATGGCCGTCATGTATATAATATATGCCCTCAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt3541_Genome_Tile_rc|1
CCACCAGGGAGGTGTTTTCTGGTGTGTTGTTGTGTTGTCTGTGTTCCCTTGCGACACAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt3581_Genome_Tile_rc|1
CTTATAACCACTGTCGATTTTCGGTGTGTTACACGAAGCTCCACCAGGGAGGTGTTTTCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt3601_Genome_Tile_rc|1
ATATGTACTACAGGTGCAGTCTTATAACCACTGTGATTTTCGGTGTGTTACACGAAGCT
>HPV53_Alpha_9627377_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TACATTTGTCCAATGATAGGTGGATGATACAGTAACAAACAGTTGTTTATGTTTTTGAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt3721_Genome_Tile_rc|1
CTATTATTTACAGCACAGTTTACATTTGTCCAATGATAGGTGGATGATACAGTAACAAAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TATATAACAACAGTAATATAACTATTATTACAGCACAGTTTACATTTGTCCAATGATAGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TTGGCGTTGGGTTTCATCTTTATATACAACAGTAATATAACTATTATTACAGCACAGTT
>HPV53_Alpha_9627377_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TAACATTACATATCAACACATGTCATATGTCCCAGTACCAGTGATACACTAGGGGGTATT
>HPV53_Alpha_9627377_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TGGTTGCAAGTTTACAGGCCTAGCAGCATATATGGCGTGTGTAGTATTGTATATACCAGG
>HPV53_Alpha_9627377_nt4121_Genome_Tile_rc|1
AAAAAAGTATATATAGTGTAATGTGGTTATGTAGGATGATGCCACAACAAACAAAATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ACATAATAAAGGGAAGTAAAAAAGTATATATAGTGTAATGTGGTTATGTAGGATGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CACACAGCATGGCTATAGAAACATAATAAAGGGAAGTAAAAAAGTATATATAGTGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4521_Genome_Tile_rc|1
CAGTGGGGCCTACCGATTCTACAACAATAGGGGGCCGAGCAGGGGTACATCAACAACAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt4581_Genome_Tile_rc|1
GGAACGAAGCTCCAGACTCAATAACACTGGATTCTTCAACCAATGTAACAATTGAAGGGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt4721_Genome_Tile_rc|1
AGGAGGGTCTACAAATGTGGGATTAGTATATGTAGTAGAACTAACATGTACAGAGGTAGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GTTTGGGGGACCTCAATAACAGGAGGGTCTACAAATGTGGGATTAGTATATGTAGTAGAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4941_Genome_Tile_rc|1
CAGGATCTGTGACCTTAACCTGTTGAAAGGCTTTTTTATATAAACGTGGGGCAGCTATAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt4961_Genome_Tile_rc|1
TTCAGGTTTGTGAAGAAATGCAGGATCTGTGACCTTAACCTGTTGAAAGGCTTTTTTATA
>HPV53_Alpha_9627377_nt4981_Genome_Tile_rc|1
TTATCAACATTAATTAAAGTTTCAGGTTTGTGAAGAAATGCAGGATCTGTGACCTTAACC
>HPV53_Alpha_9627377_nt5001_Genome_Tile_rc|1

CAGCATTTTGAATATGGGATTATCAACATTAATTAAAGTTTCAGGTTTGTGAAGAAATG
>HPV53_Alpha_9627377_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TGGGAACATCCCAAGATGTACCAAAGGGTATTGTAACATTAGAGGTACTACCACTAAAAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GGGGGTCTGTGGGCAACACTACATCGGGACCTGAATAGATGGGAACATCCCAAGATGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GGTGGTATCAAAAGGAGATTGAGGTGCATAAGGCCATGTAGGGGGTCTGTGGGCAACAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt5781_Genome_Tile_rc|1
CTTAGGGATGTCTGCTTTACCAGATTTAGAAAATGGGGTAATAAGGATGTCCCACGGTAAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt6161_Genome_Tile_rc|1
ATAAGTTCCAATGGGGGGCAGTCGCCCCGTGTAGTAGGTGTGGAACGACAGGCCGTACCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6441_Genome_Tile_rc|1
GTCCCTGCCATTACTACCCTTAATATATAAGTCATTAGGTATTTCTCACCATAACGCC
>HPV53_Alpha_9627377_nt6461_Genome_Tile_rc|1
TATACAGAGCTAGGGGGCGGGTCCCTGCCATTACTACCCTTAATATATAAGTCATTAGGT
>HPV53_Alpha_9627377_nt6821_Genome_Tile_rc|1
GTGGCAACAGGAGGCGACAAACCTATATTCCAGTCTTCCAGTAAGGTAGAATTCATAGTA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7081_Genome_Tile_rc|1
GCTTGGAGGAGGGGGCTGAGGTAGATGTAGTAGAAGCAGAGCGTTTTTTAGAGGATACAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7101_Genome_Tile_rc|1
AACATACTATTTGCGTTTGCCTTGGAGGAGGGGGCTGAGGTAGATGTAGTAGAAGCAGA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TAGTACATAATAACAACATACATACACAATACAGACACACAACATACTATTTGCGTTTGC
>HPV53_Alpha_9627377_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CAGTATACACAATAAATAAATAGTACATAATACAACCATACATACACAATACAGACACAC
>HPV53_Alpha_9627377_nt7181_Genome_Tile_rc|1
AGACAACAAATACACACATACAGTATACACAATAAATAAATAGTACATAATACAACCAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TACATACAGTCATACAACACAGACAACAAATACACACATACAGTATACACAATAAATAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7361_Genome_Tile_rc|1
TACATATATTAATAATACAGGTGGAGATTGGTATATAAACAGGGACGCCACCTAACATG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7381_Genome_Tile_rc|1
AGGTAAGTGCATGATAACAGTACATATATTAATAATACAGGGTGGAGATTGGTATATAAA
>HPV53_Alpha_9627377_nt7401_Genome_Tile_rc|1
AGCTATACTATATGTGGTATAGGTAAGTGCATGATAACAGTACATATATTAATAATACAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7421_Genome_Tile_rc|1
AACTAAAATGGATACCTATAAGCTATACTATATGTGGTATAGGTAAGTGCATGATAACAG
>HPV53_Alpha_9627377_nt7441_Genome_Tile_rc|1
AGGGTACCAAAAAGGCGCCAACTAAAATGGATACCTATAAGCTATACTATATGTGGTAT
>HPV53_Alpha_9627377_nt7601_Genome_Tile_rc|1
CAGCCTACAGTAAGTGAATAAGGTAAGGCATAGTGTATAAAACAAAAAACATTAAAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TCGTTCTCTAGGATCCTCGAACATAGCTGTTTTGCACGTAGCTAGCCTTTTACTTTTATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt0201_Genome_Tile_rc|1
CTATATACTACTCTTAGGTCACAAATTGCAAAATTATATACATCAGCCCATTGTAAGGTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TATTACACATCTTTTGCATGCAGCATACGGACTCCTATCTCTATATACTACTCTTAGGTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TCTGTTATTTTGAATAAAATATTACACATCTTTTGCATGCAGCATACGGACTCCTATCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AACATGTATAGCGTCTATACTCTGTTATTTTTGAATAAAATATTACACATCTTTTGCATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt0541_Genome_Tile_rc|1
CAGATCTAGTATTACATCTTCAATATTAATTATGTTTCCATGCATTGTTCTTTACACTTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt1161_Genome_Tile_rc|1
CTTGGTGTGATTCTGCTGACTGTGCTTTGCTGTCTGTGTTGATTGTGTTATGTCTTGCA

>HPV26_Alpha_9627305_nt1181_Genome_Tile_rc|1
TTTGGCCTGTGAATTATTTACTTGGTGTGTATTCTGCTGACTGTCGCTTTGCTGTCTGTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt1341_Genome_Tile_rc|1
CTACATCGATATCTTCCACTGAGGCATTTGACCCCCCTGACTACACACACTAGGCAACC
>HPV26_Alpha_9627305_nt1381_Genome_Tile_rc|1
AATAATTCACATATTTGTGTAACACTGTTTACATGTGTGTCTACATCGATATCTTCCACT
>HPV26_Alpha_9627305_nt2101_Genome_Tile_rc|1
GACCCGCCCCCTTCTATTTTAGAACATCTATATTGTAGCCATTGTGACATACACATAGAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt2121_Genome_Tile_rc|1
ATTTGGCAATTTCCCTTCCACGACCCGCCCTCTTCTATTTTAGAACATCTATATTGTAGCC
>HPV26_Alpha_9627305_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TACATGTTGAAACCTTAAAAATTTGGCAATTTCCCTTCCACGACCCGCCCTCTTCTATTTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt2941_Genome_Tile_rc|1
TATTATAGTCCGTGTTTATTAACGACTGCAATGCTATATGTATTTCAATTGCCTGCCATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt2961_Genome_Tile_rc|1
TCGCATTGTCCAAGCTTCTGTATTATAGTCCGTGTTTATTAACGACTGCAATGCTATATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TTTTGCATCAACATCTCCAGTACCTTTACACCACCCTATATCAGTTTTATAATACACATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt3181_Genome_Tile_rc|1
CGTAATACTGCTTATATGCCCTTGTGTATAATATATCCCTTTTGCATCAACATCTCCAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt3401_Genome_Tile_rc|1
CCTGGGTATGGCGCCTCGGTTTCTTGGTGCCACGGGCACGTAGGCTTCGGTGGTCTGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt3541_Genome_Tile_rc|1
TTCCCGGGTGATGGCCTCCACTTGTACTGTGTAGGTTGTTGTTTGTATAGTCCACTGACT
>HPV26_Alpha_9627305_nt3741_Genome_Tile_rc|1
ATTATTACGTTGTGTTATACTGTTAAAGGTAATTGTTACAATGCCTTGTGATTGGTATC
>HPV26_Alpha_9627305_nt3841_Genome_Tile_rc|1
ACATATTGGCTTGTGTGTTGGTAAATATACACTATATTACAATGACATTATTCCCAATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt4001_Genome_Tile_rc|1
AACCACAAAACAAAACACTAATAATAGCGAGGCTGCAAACACATAAATGGAAAGCAAAAGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATACACAATATAGGTAGTTATATATGATGTAGATACCACAAACCAAAAACAAAACACTAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GGTATAAAAAATAAGCAAATATACACAATATAGGTAGTTATATATGATGTAGATACCACA
>HPV26_Alpha_9627305_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AAAAATGTAAAAACAAGCAGGTATAAAAAATAAGCAAATATACACAATATAGGTAGTTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AGCAATTACCATTACAGTATAAAAAATGTAAAAACAAGCAGGTATAAAAAATAAGCAAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4121_Genome_Tile_rc|1
GTTTATTAAAGGGACTAAGTAGCAATTACCATTACAGTATAAAAAATGTAAAAACAAGCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GACAGCTACCATTTGTAACACGTTTATTAAAGGGACTAAGTAGCAATTACCATTACAGTAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4641_Genome_Tile_rc|1
GGTATATCTATAGGGGGTTCAATATATAATGGATTTTGTATATTGGTACTTGTACATGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4681_Genome_Tile_rc|1
CGTTGTAGTAAATATATGACCTGATGCTTCCCCGGCCTGTGGTATATCTATAGGGGGTTC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4701_Genome_Tile_rc|1
CTATGTGTGCCAGCTGTGGACGTTGTAGTAAATATATGACCTGATGCTTCCCCGGCCTGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CCATTGGAATTTCTTCATAACTATGTGTGCCAGCTGTGGACGTTGTAGTAAATATATGAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4841_Genome_Tile_rc|1
TAACCTTTACCTGTTGATAGGCCTTACTATACAAACGAGGAGCTGACACTCGTTGTATAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt4941_Genome_Tile_rc|1
GTACTACTGGAAGCATATGTAAGTGTTCATCTATAGGTTTCATATGCAGGATTATCAAAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt4961_Genome_Tile_rc|1

AATCGGGGTCAGGTGCTACAGTACTACTGGAAGCATATGTAAGTGTTCATCTATAGGTT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TGTATGTAAAGGCTGCAATTC AATTTCTTCGTGTT CAGCAAAAGACTGTATAGGACTAAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5181_Genome_Tile_rc|1
GGTGCAGATGAATGGGTAGATGTATGTAAAGGCTGCAATTC AATTTCTTCGTGTT CAGCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CTGCATATATATCAAACAAAGGTGCAGATGAATGGGTAGATGTATGTAAAGGCTGCAATT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5221_Genome_Tile_rc|1
GCTAGGAAC TGTATCAGGGTCTGCATATATATCAAACAAAGGTGCAGATGAATGGGTAGA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GTAATGTTGTAGGGGAATATGACATGCGCGGCGTATGTATGCTAGGAAC TGTATCAGGGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GGAGGCATATCTTGGAAC TGGTAATGTTGTAGGGGAATATGACATGCGCGGCGTATGTAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TTAATAGAGGAAAACACATTGGAGGCATATCTTGGAAC TGGTAATGTTGTAGGGGAATAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TAACATTGGTAGTGGAAGTATTAATAGAGGAAAACACATTGGAGGCATATCTTGGAAC TG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5361_Genome_Tile_rc|1
CTATATACAGGTAGTTCAAATGAGGTGGATAAAGGCACAGTAACATTGGTAGTGGAAGTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GCGTGTAATGTCTGACCCACTATATACAGGTAGTTCAAATGAGGTGGATAAAGGCACAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5401_Genome_Tile_rc|1
CCATGTCGGGGAAGATGTGGGCGTGTAATGTCTGACCCACTATATACAGGTAGTTCAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5461_Genome_Tile_rc|1
ATTATCCCCATGCACAAC TATTGCAGGTAAAGTTAGTGGTGGGTGGGGGGGCAATGATGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5701_Genome_Tile_rc|1
TTTTGGCCAGTTTTAGGTATGGAAAAATATGGATGTCCTAATGTTAATAAACGAGAGCTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt5941_Genome_Tile_rc|1
GCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTTCGGTATCATCCAAC TTATTAACAAAGGATGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt5961_Genome_Tile_rc|1
TGTCCCTGTTGT CAGTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATGAGAGTTTTCGGTATCATCCA
>HPV26_Alpha_9627305_nt5981_Genome_Tile_rc|1
TTTATTATCAACTGAAACATTGTCCCTGTTGT CAGTGTCTGCATTTACAGTAGCCAAATG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6061_Genome_Tile_rc|1
TGTGTATTTTTACATATAGTGCCAATACCCAGTGCTCTCCAAGGGCGGTGTACAACCT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6101_Genome_Tile_rc|1
GGAAATTAATTC TAAGGGGGGCAATCCCCACGTTGTGTCTGTGTATTTTTACATATAGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6361_Genome_Tile_rc|1
CCTTTAATATACAAAGTGGTGGGTATAGCATCCCCAACAGCCCCCGCCTTATTATAAAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt6381_Genome_Tile_rc|1
GCTCCCTGCCTGATTCAGCACCTTTAATATACAAAGTGGTGGGTATAGCATCCCCAACAG
>HPV26_Alpha_9627305_nt6401_Genome_Tile_rc|1
ATAAATAGAAGATGTAGGGGGCTCCCTGCCTGATTCAGCACCTTTAATATACAAAGTGGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt6721_Genome_Tile_rc|1
GAGGCATTCATTAAATGTATGTAAGCCATAACATCTGTTGTAAGTGT TATTTACACAAC
>HPV26_Alpha_9627305_nt6981_Genome_Tile_rc|1
GTTTGGTGCCTAGTTTCGGCCGCCGTTGTATGCCGGCCTGTAACATAAACTTACGCCCTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7001_Genome_Tile_rc|1
AGAGGTAGAAGATAAGGGACGTTTGGTGCCTAGTTTCGGCCGCCGTTGTATGCCGGCCTG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7121_Genome_Tile_rc|1
CATTACATACAGTTGTACACACATACAAACACACCTTACATAACATACCACAAACATATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TTAAATAACAAGTATGCATACAAACAGGAAAACACATAACCATGCATACATATAATACAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt7221_Genome_Tile_rc|1
GAAGACACATTCATACTTTATTAAATAACAAGTATGCATACAAACAGGAAAACACATAAC

>HPV26_Alpha_9627305_nt7241_Genome_Tile_rc|1
AAAGACATGTAACCATGCATGAAGACACATTCATACTTTATTAAATAACAAGTATGCATA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7261_Genome_Tile_rc|1
CAAATGACAAATAGTGTAGTAAAGACATGTAACCATGCATGAAGACACATTCATACTTTA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7281_Genome_Tile_rc|1
CCATTACCTCAGGGGTAAAACAAATGACAAATAGTGTAGTAAAGACATGTAACCATGCAT
>HPV26_Alpha_9627305_nt7301_Genome_Tile_rc|1
GACACCACCTAAGGTTCTCTCCATTACCTCAGGGGTAAAACAAATGACAAATAGTGTAGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt7321_Genome_Tile_rc|1
GTAATATAATAATTATAAGGGACACCACCTAAGGTTCTCTCCATTACCTCAGGGGTAAAA
>HPV26_Alpha_9627305_nt7361_Genome_Tile_rc|1
TACAAAAGTTTAGTGAAATACATATAAAAAGGTAAACTTGTGTAATATAATAATTATAAGG
>HPV26_Alpha_9627305_nt7381_Genome_Tile_rc|1
AAAAAGTAAAAATATAACACTACAAAAGTTTAGTGAAATACATATAAAAAGGTAAACTTGT
>HPV26_Alpha_9627305_nt7621_Genome_Tile_rc|1
CCTAACAGCAGTTTTATTATAATGTAAGAAAAAGTGCTTATGTAAGTATTGTTTAAATAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0001_Genome_Tile_rc|1
ATAATCTGCAGTACCACTGCCGTTATATATTTTCTGCAGAGGTGATTGTTGCCAACTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0021_Genome_Tile_rc|1
GCATACTTCGGCAAAAAATAATAATCTGCAGTACCACTGCCGTTATATATTTTCTGCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0041_Genome_Tile_rc|1
TAGATAAGAATCCTCCATCTGCATACTTCGGCAAAAAATAATAATCTGCAGTACCACTGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0061_Genome_Tile_rc|1
AAGTCATCTAGCCGTTTTGGTAGATAAGAATCCTCCATCTGCATACTTCGGCAAAAAATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0081_Genome_Tile_rc|1
AAATATTAAAAATCGAACAGAAGTCATCTAGCCGTTTTGGTAGATAAGAATCCTCCATCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0101_Genome_Tile_rc|1
AAGATGCACATCAAAAAGAGAAATATTA AAAATCGAACAGAAGTCATCTAGCCGTTTTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0141_Genome_Tile_rc|1
ACTGCTGTAGGTCCAAAATATAGCCACAAAATATGCAAGGAAGATGCACATCAAAAAGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGATAGAACGAACCCAACTGCTGTAGGTCCAAAATATAGCCACAAAATATGCAAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0181_Genome_Tile_rc|1
CTCCAGACCAAACCTAAGCTGTTTCTGATAGAACGAACCCAACTGCTGTAGGTCCAAAATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0201_Genome_Tile_rc|1
ACGCAAAACAAGCACCGCTCCTCCAGACCAAACCTAAGCTGTTTCTGATAGAACGAACCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0221_Genome_Tile_rc|1
CCTAGAACAAGGGACACAACACGCAAAACAAGCACCGCTCCTCCAGACCAAACCTAAGCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0241_Genome_Tile_rc|1
GCCTCATACCTAGCAGAAAGCCTAGAACAAAGGGACACAACACGCAAAACAAGCACCGCTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AAAATGAATTCCCTTTACAGAGCAGCGGTAAAAGCGTTCAGCCTCATACCTAGCAGAAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TTCTTTCTTAGGAAATCCTCAAAATGAATTCCTTTTACAGAGCAGCGGTAAAAGCGTTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0321_Genome_Tile_rc|1
GGCATAACCATCAGCTAGATTCTTTCTTAGGAAATCCTCAAAATGAATTCCTTTTACAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0341_Genome_Tile_rc|1
TGACATACATTCATAGATCGGCATACCACATCAGCTAGATTCTTTCTTAGGAAATCCTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0361_Genome_Tile_rc|1
TTTTCAGGTAAATCAAGCAATGACATACATTCATAGCATCGGCATACCACATCAGCTAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0381_Genome_Tile_rc|1
CCCTAAAGATACAATCTAATTTTTTCAGGTAAATCAAGCAATGACATACATTCATAGCATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0401_Genome_Tile_rc|1
CACAAGATGGAAACACTACCCCTAAAGATACAATCTAATTTTTTCAGGTAAATCAAGCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0421_Genome_Tile_rc|1

GTTCCCCCTCCAAGTGTTTCTCACAAGATGGAAACACTCACCCCTAAAGATACAATCTAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TTCTACAACAATTTCTGCACGTTCCCCCTCCAAGTGTTTCTCACAAGATGGAAACACTCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0461_Genome_Tile_rc|1
AGGGCTCCTTCCCAATCATTTTCTACAACAATTTCTGCACGTTCCCCCTCCAAGTGTTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0481_Genome_Tile_rc|1
TATTTCTAGATCATTAATTGAGGGCTCCTTCCCAATCATTTTCTACAACAATTTCTGCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0501_Genome_Tile_rc|1
AATACATGTTCTTCCAGCTTTATTTCTAGATCATTAATTGAGGGCTCCTTCCCAATCATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0521_Genome_Tile_rc|1
TGCTTAAAGGTTAGCAGGCAATACATGTTCTTCCAGCTTTATTTCTAGATCATTAATTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0541_Genome_Tile_rc|1
ATCAGATGACAAAACCTCGTTTGCTTAAAGGTTAGCAGGCAATACATGTTCTTCCAGCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0621_Genome_Tile_rc|1
ACCCTTACACCTGCTTCACAGAAGGCGCAACTGGTATCTATTTGGAAAGGTTCTCGCTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0641_Genome_Tile_rc|1
CTGGTGAAGCTAGAACAAATACCCTTACACCTGCTTCACAGAAGGCGCAACTGGTATCTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0661_Genome_Tile_rc|1
CTGAAGCGTGCGAATTCGGCTGGTGAAGCTAGAACAATACCCTTACACCTGCTTCACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0701_Genome_Tile_rc|1
ACCCAGGGCAACTTATGGAAATCTCTGCAAGTAAAAGCTGCTGAAGCGTGCGAATTCGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0721_Genome_Tile_rc|1
TCGAAAGTTGTTCTTGGAAACACCCAGGGCAACTTATGGAAATCTCTGCAAGTAAAAGCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt0761_Genome_Tile_rc|1
ATTATCAGTAGTATCAGTACCTTTATTGGGGTCTGCCATGTCGAAAGTTGTTCTTGGAAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0821_Genome_Tile_rc|1
ATCTAAATCGTCTACACATTCTGCTTCATCTACAAGTAACCATTACAGATTACAGTCAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt0841_Genome_Tile_rc|1
TCTAACAAATTCATCAAGTACATCTAAATCGTCTACACATTCTGCTTCATCTACAAGTAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0861_Genome_Tile_rc|1
TTGAACATTGCGTACTTTCTTCTAACAATTCATCAAGTACATCTAAATCGTCTACACATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0881_Genome_Tile_rc|1
ATCAATCAAGTTTGAAACCGTTGAACATTGCGTACTTTCTTCTAACAATTCATCAAGTAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0901_Genome_Tile_rc|1
TCAATATCAACTGGGTCATCATCAATCAAGTTTGAAACCGTTGAACATTGCGTACTTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt0941_Genome_Tile_rc|1
TACCTGACTGTTGAATAAGGCCAGGGAATTTCCCTGATCCTCAATATCAACTGGGTCATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt0981_Genome_Tile_rc|1
TTCGTTTTAGGGCGCTTATAGCTGTGTTACAATCCTCTGTTACCTGACTGTTGAATAAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1041_Genome_Tile_rc|1
CTGCTTGAAGCCTTGGACTCAACTCAGCAACAGTCTGCAGCTGCGGACTTTTGATTAACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1141_Genome_Tile_rc|1
GAGTCCAACGCTACCTGAGAAGTATTTTGAGCTTCATCTTCTCCTATGCCACTGTCATCG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1161_Genome_Tile_rc|1
TCTCTAAGGAGCTTTCTAAGGAGTCCAACGCTACCTGAGAAGTATTTTGAGCTTCATCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1181_Genome_Tile_rc|1
AGTTAGCCCAGCTCCCGATGTCTCTAAGGAGCTTTCTAAGGAGTCCAACGCTACCTGAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1221_Genome_Tile_rc|1
GGACGGTTGCCTGTGCTGCAATGTAAGGTTAATAGTTAGCCCAGCTCCCGATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1241_Genome_Tile_rc|1
GAGTTCTTTAAATTTTAGATGGACGGTTGCTGTCGGTTGCTGCAATGTAAAAGGTTAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1261_Genome_Tile_rc|1
TCTTTAAATGATACACCATAGAGTTCTTTAAATTTTAGATGGACGGTTGCCCTGTCGGTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1281_Genome_Tile_rc|1
TTTTAAAATTTCTAGTTAGTTCTTTAAATGATACACCATAGAGTTCTTTAAATTTTAGAT

>HPV88_Gamma_167600365_nt1301_Genome_Tile_rc|1
ATTGGAACAAGACTTATCACTTTTAAATTTCTAGTTAGTTCTTTAAATGATACACCATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1341_Genome_Tile_rc|1
GAACTTCTTCTACAGCATTATACACAGCAATTACCCAGCTATTGGAACAAGACTTATCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1381_Genome_Tile_rc|1
AACTCTACATGCTTCTGAAGCTGCACCTTTGATGCCTCCAGAACTTCTTCTACAGCATTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1401_Genome_Tile_rc|1
CATACACTATTAAGTGAAGAACTCTACATGCTTCTGAAGCTGCACCTTTGATGCCTCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TAGATACAACCCATGAAATCCATACACTATTAAGTGAAGAACTCTACATGCTTCTGAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1441_Genome_Tile_rc|1
TTAGTGCTTTTAAATACAATTAGATACAACCCATGAAATCCATACACTATTAAGTGAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TAGATACAGTATCTCTATTTTTAGTGCTTTTAAATACAATTAGATACAACCCATGAAATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TAACATTTCCGTAAACAATTTAGATACAGTATCTCTATTTTTAGTGCTTTTAAATACAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1501_Genome_Tile_rc|1
AATTGTAAAGCATTAACATTTAACATTTCCGTAAACAATTTAGATACAGTATCTCTATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TAAAGAAGCATTTCCCAAACCTTTTCTATAAAAAAATAACGCTACCGGAACACTTCTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt1601_Genome_Tile_rc|1
ATCTGGAACCTCTCCATACATAAAAGAAGCATTTCCCAAACCTTTTCTATAAAAAAATAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1621_Genome_Tile_rc|1
AAGGTTTGTTTTTTAATCCAATCTGGAACCTCTCCATACATAAAAGAAGCATTTCCCAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1661_Genome_Tile_rc|1
ATCAAATGTCTCTGCTGCTGACGCAGACTGATGCTCTACCAAGGTTTGTTTTTTAATCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1681_Genome_Tile_rc|1
CATTGAACCATAGAGCTAAAATCAAATGTCTCTGCTGCTGACGCAGACTGATGCTCTACC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1861_Genome_Tile_rc|1
GCCATTGACATTTGTCTCAATTCATACCTTCTATACATTTTTTACCATTGCGGCACAATCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt1901_Genome_Tile_rc|1
ATTTTCGGTACATTTTGAACAACATTTATCTATCCATTTCAGCCATTGACATTTGTCTCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1921_Genome_Tile_rc|1
GCAATTATTTTCCAGTTACCATTTTCGGTACATTTTGAACAACATTTATCTATCCATTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt1961_Genome_Tile_rc|1
AAATGATAAAAATTGTACATTCTGATGTTTCAGAAATGTAGCAATTATTTTCCAGTTACC
>HPV88_Gamma_167600365_nt1981_Genome_Tile_rc|1
AAAGGTTTCAATGCAATGAGAAATGATAAAAATTGTACATTCTGATGTTTCAGAAATGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2021_Genome_Tile_rc|1
AACAAACACCAGACAATTCTTCTTTGGAACACCCTGTAAGAAAGGTTTCAATGCAATGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2061_Genome_Tile_rc|1
ATGAGAAGCAGAAATATGATTTCCAGTGTCAGGGGGCCCAACAAACACCAGACAATTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2101_Genome_Tile_rc|1
TTCATAAAGGACACAACCTTTCCCCCAAAAAACGTATTAATGAGAAGCAGAAATATGAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2141_Genome_Tile_rc|1
AGTATCTTGCAATGGTTGTAACCAGAAATGACTATTTCTATTTCATAAAGGACACAACCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2241_Genome_Tile_rc|1
TTGCATCAAGAGATACAAGATTACCATCTAGTCCATTCCGAAGGTTAATATCCATATACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2321_Genome_Tile_rc|1
TAAGGATTGATCCTCCATTACATCCACGTTAGTGGTAACAAGTAAGGAGGTAATTTTCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2341_Genome_Tile_rc|1
AGTCTACTATGCAGATATCTTAAGGATTGATCCTCCATTACATCCACGTTAGTGGTAACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2361_Genome_Tile_rc|1
TAGGGAATTTAAACATACTAGTCTACTATGCAGATATCTTAAGGATTGATCCTCCATTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2381_Genome_Tile_rc|1

GTCATTTCAGTGGTAATTTGTTAGGGAATTTAAAACATACTAGTCTACTATGCAGATATCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2401_Genome_Tile_rc|1
TCATATACAAGGGAGCCATCGTCATTTCAGTGGTAATTTGTTAGGGAATTTAAAACATACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2421_Genome_Tile_rc|1
CCCATGTATCATTCGTTATTTTCATATACAAGGGAGCCATCGTCATTTCAGTGGTAATTTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2441_Genome_Tile_rc|1
AAATTTTCTAAAAAACAGGCCCATGTATCATTCGTTATTTTCATATACAAGGGAGCCATC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2461_Genome_Tile_rc|1
ACCAGGTTTAACTGGGTAGCAAATTTTCTAAAAAACAGGCCCATGTATCATTCGTTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TCAGTTTCTCCCTTTCAATTAGATTCAATATGGCATCTTGCAGTGCAACGAAACGTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2581_Genome_Tile_rc|1
ATTGTATTTGGGATCTTAAATCAGTTTCTCCCTTTCAATTAGATTCAATATGGCATCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2601_Genome_Tile_rc|1
TTTTCTAACCAGCTCCCAATATTGTATTTGGGATCTTAAATCAGTTTCTCCCTTTCAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2641_Genome_Tile_rc|1
TATAGCCACTCTTTCCTAGCATAATAAAGGATCACCTGCTCTTTTCTAACCAGCTCCCAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2681_Genome_Tile_rc|1
GAAACCGCTGGTGCTGGAGTAGGCTGCAGGCCAAGTCTATTATAGCCACTCTTCTAGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2701_Genome_Tile_rc|1
CTTGTTTCTAGCATTGTATTCTGAAACCGCTGGTGCTGGAGTAGGCTGCAGGCCAAGTCTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2741_Genome_Tile_rc|1
GATTTTTCTAAGGGATTTTAAACATAAGCTGGAGATGGATAGCTTGTTTCTAGCATTGTATTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ATGGCTCTTTTGCAAATTTTGATTTTTCAAGGGATTTTAAACATAAGCTGGAGATGGATAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2781_Genome_Tile_rc|1
ACTTGCATCAGTTAATGACCATGGCTCTTTTGCAAATTTTGATTTTTCAAGGGATTTTAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2801_Genome_Tile_rc|1
GGAGTATTTACAAGCTCTGCACTTGCATCAGTTAATGACCATGGCTCTTTTGCAAATTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2841_Genome_Tile_rc|1
AGTTACTGTAAATCCTCCTTTTTTGAAGCAGTCCCTAGGAGGAGTATTTACAAGCTCTGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2861_Genome_Tile_rc|1
CGATCATTATCAAAGTACACAGTTACTGTAAATCCTCCTTTTTTGAAGCAGTCCCTAGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2881_Genome_Tile_rc|1
TGTAGGGAAAGCTGTTTTCTCGATCATTATCAAAGTACACAGTTACTGTAAATCCTCCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2901_Genome_Tile_rc|1
ATAAATATGTTCCCATTTGTGTGTAGGGAAAGCTGTTTTCTCGATCATTATCAAAGTACAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt2921_Genome_Tile_rc|1
TGCTCGTTCTGGTCCTGATAATAAATATGTTCCCATTTGTGTGTAGGGAAAGCTGTTTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt2941_Genome_Tile_rc|1
CACCTGGCACTTTATGCCACTGCTCGTTCTGGTCCTGATAATAAATATGTTCCCATTTGTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt2961_Genome_Tile_rc|1
CAGCCCATTTGTGATCAACACCACCTGGCACTTTATGCCACTGCTCGTTCTGGTCCTGATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt2981_Genome_Tile_rc|1
GTATTTTCTTCATCATAGTACAGCCCATTTGTGATCAACACCACCTGGCACTTTATGCCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3001_Genome_Tile_rc|1
GGAAATATACCCTTTTCATTGGTATTTTCTCATCATAGTACAGCCCATTTGTGATCAACAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3021_Genome_Tile_rc|1
AGACTCAGGCTCAAATAAAAGGAAATATACCCTTTTCATTGGTATTTTCTCATCATAGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3041_Genome_Tile_rc|1
CCACTACTGCCATATTTTTGAGACTCAGGCTCAAATAAAAGGAAATATACCCTTTTCATTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3081_Genome_Tile_rc|1
GGCAGAAACAGTAGTATTTTTATAATGCACAGTCCATTGTCCACTACTGCCATATTTTTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TGGAGATGGGTGAGGACCGCCTAGAAGAGCTGGTGGCAGAGGCAGAAACAGTAGTATTTT

>HPV88_Gamma_167600365_nt3161_Genome_Tile_rc|1
GTGGTGTGTCGGGCGGTTGTGGCGTCGAAATCGGTTTTGGTGGAGATGGGTGAGGACCGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TTCTCTGCGGGCAGAGGTCGTGGTGTGTCGGGCGGTTGTGGCGTCGAAATCGGTTTTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TTGTAGTCGCTTCCTTGGACTTCTCTGCGGGCAGAGGTCGTGGTGTGTCGGGCGGTTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3221_Genome_Tile_rc|1
GTGGTTGAGCTGACCGCCTCTTGTAGTCGCTTCCTTGGACTTCTCTGCGGGCAGAGGTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3341_Genome_Tile_rc|1
GGGACAGATTCTCCGAGAGTGTTCGGTCGGTGGCTGTTCTTCTTCTTTGCTCCGGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3521_Genome_Tile_rc|1
CTGCAAACTAAATTGGAGGAATATTTTTTTTCATTCTATTTCTCCAGCATTTAAGGGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3541_Genome_Tile_rc|1
CTATCCATCTCCAGACTGAGCTGCAAACTAAATTGGAGGAATATTTTTTTTCATTCTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3561_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTCATGGGTGGTACTATCTATCCATCTCCAGACTGAGCTGCAAACTAAATTGGAGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3581_Genome_Tile_rc|1
AATGCTACAAGCATGCGGCTGTTTTTCATGGGTGGTACTATCTATCCATCTCCAGACTGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3601_Genome_Tile_rc|1
TTCTTTTCAGCAGTATTTTGAAATGCTACAAGCATGCGGCTGTTTTTCATGGGTGGTACTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3641_Genome_Tile_rc|1
GTTGTACCCCTTGGCAAAGTCACTGAATTTAGAAATCGAGTTCTTTTCAGCAGTATTTTGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3661_Genome_Tile_rc|1
CAAGGTAACCAAATGCGTAGGTTGTACCCTTTGGCAAAGTCACTGAATTTAGAAATCGAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TATACATAGTTACAATGAATCAAGGTAACCAAATGCGTAGGTTGTACCCTTTGGCAAAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3701_Genome_Tile_rc|1
GTCACGTTTACTTCTGGTTTTATACATAGTTACAATGAATCAAGGTAACCAAATGCGTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3721_Genome_Tile_rc|1
CTATACAAATCTCAGCAGTGTACGTTTACTTCTGGTTTTATACATAGTTACAATGAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TGCCAGTAGCTTTACAGTGTCTATACAAATCTCAGCAGTGTACGTTTACTTCTGGTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TTCTACATCTGGAGGACAGTTGCCAGTAGCTTTACAGTGTCTATACAAATCTCAGCAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3841_Genome_Tile_rc|1
AGACCCAGACCCCCCAGGTATATAACACTACCAAAAATGCGCAGCAATCGATCTGCTAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TTCTATAGGTCTAATACCTGTTGTGCCCTCCCCTGTACCAAGACCCAGACCCCCCAGGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TCTCTACGGTTATATCTGGGCGAACTGTTTCAACAGGAGCTTCTATAGGTCTAATACCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TCTTGGTCTTACTGTGGTCTCTCTACGGTTATATCTGGGCGAACTGTTTCAACAGGAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt3961_Genome_Tile_rc|1
AAAGTGGTAGGTCTTTGTGGTCTTGGTCTTACTGTGGGTCTCTCTACGGTTATATCTGGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TTCTATCTATAGGTGTACCGAAAGTGGTAGGTCTTTGTGGTCTTGGTCTTACTGTGGGTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4001_Genome_Tile_rc|1
AGTGATATCAGCAGATCCAATTCTATCTATAGGTGTACCGAAAGTGGTAGGTCTTTGTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4021_Genome_Tile_rc|1
GTGGGCTTAACTACATTAGGAGTGATATCAGCAGATCCAATTCTATCTATAGGTGTACCG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4041_Genome_Tile_rc|1
GGGGCACGATAGAGGATTCTGTGGGCTTAACTACATTAGGAGTGATATCAGCAGATCCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TGGAATCCCACTTTCATTTAGGGGCACGATAGAGGATTCTGTGGGCTTAACTACATTAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4081_Genome_Tile_rc|1

GAATCTATAATTGTAGGGTCTGGAATCCCACTTTCATTTAGGGGCACGATAGAGGATTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CCTCACCACCCCCTGTTGCAGAATCTATAATTGTAGGGTCTGGAATCCCACTTTCATTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TATGTCATATTCTCCTAGACCCTCACCACCCCCCTGTTGCAGAATCTATAATTGTAGGGTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CTGTAGCTCCGAGGGTCTCATTTGGATCTACAGTGGTCAATATGTCATATTCTCCTAGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4181_Genome_Tile_rc|1
AGAAGTGGTAGGATGCCCCCTGTAGCTCCGAGGGTCTCATTTGGATCTACAGTGGTCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4221_Genome_Tile_rc|1
GACTGATGTCTAAGATTGCTGTTTCATTATTAAGTGTACCAGAAGTGGTAGGATGCCCCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TTTTGGAGGAGGTTTCATAGGGACTGATGTCTAAGATTGCTGTTTCATTATTAAGTGTACC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4261_Genome_Tile_rc|1
CTTGGGGCAAGTGCAAAACGTTTGGAGGAGGTTTCATAGGGACTGATGTCTAAGATTGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4361_Genome_Tile_rc|1
AACAATTTACCTGTAATATTAGCATCTACAAACACATTTATGTTTGATTCTGTAGGTAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TCTAATGGGATTTCTTCACCAACAATTTACCTGTAATATTAGCATCTACAAACACATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4401_Genome_Tile_rc|1
CTTCTATAGAATTTATAGGCTCTAATGGGATTTCTTCACCAACAATTTACCTGTAATAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4421_Genome_Tile_rc|1
CCCAGCCTCTATTTCTGAATTCTTCTATAGAATTTATAGGCTCTAATGGGATTTCTTCACC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4441_Genome_Tile_rc|1
CTAGGAGTACTAGTCTGGCGCCAGCCTCTATTTCTGAATTCTTCTATAGAATTTATAGGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4461_Genome_Tile_rc|1
GAAATCTTTCAACAGCTTCCCTAGGAGTACTAGTCTGGCGCCAGCCTCTATTTCTGAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4481_Genome_Tile_rc|1
TAAGCTTCTGGCCCGCCCAAGAAATCTTTCAACAGCTTCCCTAGGAGTACTAGTCTGGCG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4521_Genome_Tile_rc|1
CAACATTGTCTGTTCTGATTTGTTGAATGTAACGATTATATAAGCTTCTGGCCCGCCCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4561_Genome_Tile_rc|1
AATTCAAATTGAACCGCGCTGAAGGCCGGGTTAAAAAGTCAACATTGTCTGTTCTGATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4621_Genome_Tile_rc|1
ATTTTCAGCAACATCCCGCGCAAATTCAAGACTTACATCACCAGTAAAGGCGGGATTTTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4641_Genome_Tile_rc|1
CTGGATCAGGAGCCGCTGTTATTTTCAGCAACATCCCGCGCAAATTCAAGACTTACATCAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4761_Genome_Tile_rc|1
CTATTATGGTACCGCTTCTGGTACTAATCGCTCCTTTTGTTCCTAATCTGCTGACTCGCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4781_Genome_Tile_rc|1
GTAGTAGTGACACGAGGACCTATTATGGTACCGCTTCTGGTACTAATCGCTCCTTTTGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4801_Genome_Tile_rc|1
TCAATTGCACTAAGATCAAAGTAGTAGTGACACGAGGACCTATTATGGTACCGCTTCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TAACATCAGGCTCTATAGGTTCAATTGCACTAAGATCAAAGTAGTAGTGACACGAGGAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt4841_Genome_Tile_rc|1
CCCTAAATTAGAAAGCTCAATAACATCAGGCTCTATAGGTTCAATTGCACTAAGATCAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GTACTTTCCCCACTAAACTCCCCTAAATTAGAAAGCTCAATAACATCAGGCTCTATAGGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4881_Genome_Tile_rc|1
ATAAAATTGAATCTACAATTGTACTTTCCCCACTAAACTCCCCTAAATTAGAAAGCTCAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt4921_Genome_Tile_rc|1
GTTGACTCAAAAGGTGCTATAGGATCTACTGTATGCCAGATAAAATTGAATCTACAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4941_Genome_Tile_rc|1
CTAGATCTGCAATAGAAAATGTTGACTCAAAAGGTGCTATAGGATCTACTGTATGCCAG

>HPV88_Gamma_167600365_nt4961_Genome_Tile_rc|1
GTCCTCTAGTAAAGGGTCTTCTAGATCTGCAATAGAAAATGTTGACTCAAAAGGTGCTAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt4981_Genome_Tile_rc|1
AATAAGTGA CTATTACTAAAGTCTCTAGTAAAGGGTCTTCTAGATCTGCAATAGAAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5001_Genome_Tile_rc|1
CCTCTTCCTCAAAATGCACAAATAAGTGACTATTACTAAAGTCTCTAGTAAAGGGTCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5021_Genome_Tile_rc|1
AGGAACAGATATAAGTTCATCTCTTCTCAAAATGCACAAATAAGTGACTATTACTAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CATCTACAAAAGCTTTTATTGCTGCGCCAGGAGGAAGAGTAGGAACAGATATAAGTTCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5101_Genome_Tile_rc|1
TTTACCATTTCAGGATATGAAACTATAATATCTGCATAATCATCTACAAAAGCTTTTATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5121_Genome_Tile_rc|1
GGATTTCAATTTTGTTTACATTTACCATTTCAGGATATGAAACTATAATATCTGCATAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5141_Genome_Tile_rc|1
GGGCACTAATGTAGTTGCAGGGATTTCAATTTTGTTTACATTTACCATTTCAGGATATGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5161_Genome_Tile_rc|1
AGTCTAATGTCTGGTTCAGAGGGCACTAATGTAGTTGCAGGGATTTCAATTTTGTTTACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5181_Genome_Tile_rc|1
AATCTGGAGAAAACCAATCTAGTCTAATGTCTGGTTCAGAGGGCACTAATGTAGTTGCAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TAAAGAAGGGTGCAAATCATAATCTGGAGAAAACCAATCTAGTCTAATGTCTGGTTCAGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GCTTCCCAGTTTGTGTGTTGCCATAATGCCATCTGCAAAACATCAAAACATATTGCGTTTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GATAATATTTTTTGCCACAGGTTTAGCCGGCGGAAGGAACAGCTTCCCAGTTTGTGTGTTGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5341_Genome_Tile_rc|1
CAATAACATAATCATCTGTAGATAATATTTTTGCCACAGGTTTAGCCGGCGGAAGGAACA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5361_Genome_Tile_rc|1
ATGAAAATGTAACGTAGTTCCAATAACATAATCATCTGTAGATAATATTTTTGCCACAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AACAGACGATCAGTGCCAGCATGAAAATGTAACGTAGTTCCAATAACATAATCATCTGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTACTGTTAACAGACGATCAGTGCCAGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5441_Genome_Tile_rc|1
ATCTCAATTTTGTGTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCATAGTAGGGATGGTCTACTGTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GGCATGCAGACACCTTAGGAATCTCAATTTTGTGTTGGGATCTCCATCATTCCTAATTTTCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTTTCAGCCTAAACACTCGATATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5541_Genome_Tile_rc|1
ACGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAATTTATTTGGATCAGGCAATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5561_Genome_Tile_rc|1
AATTTCCAACTAAACGTTTCAGTTTCAGGATTGAAAATTGACTGATCTATTAAGGCAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5581_Genome_Tile_rc|1
TACCAATTTGAATACCTTTTAATTTCCAACTAAACGTTTCAGTTTCAGGATTGAAAATTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5601_Genome_Tile_rc|1
TACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGAATACCTTTTAATTTCCAACTAAACGTTTC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5621_Genome_Tile_rc|1
AAAGGATGACCTGCAGTACCTACATTTAGTGGTCCACCTCTACCAATTTGAATACCTTTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5681_Genome_Tile_rc|1
TCATCTGTTTGGAGCTGGTGGATAATCATTAGGATTTTCAGTATCTGGAGCTTTGTTAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5741_Genome_Tile_rc|1
ATGCAACCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCATAGACACGTTACGTCTGTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5761_Genome_Tile_rc|1

AATATTACCATCTGCAGGAATGCAACCAATTATAAATAATTGGGTATGTTTGGGGTCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt5821_Genome_Tile_rc|1
GTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTGCGCTGATCTCCAACACATGGTTTAGCAACATCCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5841_Genome_Tile_rc|1
AATAACAGCATTAACATACTGTATAGGTGGACAGTCTCCTGCATTGCGCTGATCTCCAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt5861_Genome_Tile_rc|1
TCACCCATTGTTCCGTCCTGAATAACAGCATTAACATACTGTATAGGTGGACAGTCTCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt5901_Genome_Tile_rc|1
TTGCAAAAAGTTCTTAAAATTTGCTGCCCCAAAACCTGTGTCACCCATTGTTCCGTCCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt5941_Genome_Tile_rc|1
ATATATCATTAATAATATCCAGAGGAACACCTGCTTTGTCTTGCAAAAAGTTCTTAAAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6041_Genome_Tile_rc|1
GCCATAAAATGGCGAGCATACGACTGCTCACGTTTTCCAAAAAAGAAACATTTATCGCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6081_Genome_Tile_rc|1
ATTTCCCTCTGGTATGGCATCTCCATTTTACCTTCACGAGCCATAAAATGGCGAGCATA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6121_Genome_Tile_rc|1
TTTTAAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTTATTTCCCTCTGGTATGGCAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6141_Genome_Tile_rc|1
GAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAAATTCACAGCATTTGTAGGTGGCAATAAGTATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6161_Genome_Tile_rc|1
AGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCATTTTAAAATTCACAGCATTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6181_Genome_Tile_rc|1
AGTTAGAATCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGGGAAATAAACATGAGATCCCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6201_Genome_Tile_rc|1
CCAATAAGGTCTGTTAAATAAGTTAGAATCACTAGTAGTAAGTGATCCACTAGCAGTAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6341_Genome_Tile_rc|1
TAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAATGGAAAGAGTAAAATTAGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6361_Genome_Tile_rc|1
GAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAATAGCTCCTCCCTGATTATAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6381_Genome_Tile_rc|1
CTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTATAAGTATACTGATTTCCAAT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6401_Genome_Tile_rc|1
ATAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACTGAGTAAAATCTTGAGATTTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6421_Genome_Tile_rc|1
GAACTCTACAAAGCTGGAATATAGCTTCCAATTCGTATTCCTCTGCATGTCGAGTATACT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6481_Genome_Tile_rc|1
ATTCATCTAATATATTAGGATTCATAACATTTAAGTGAGCTAAAATATCAGGCTCCAAAG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6581_Genome_Tile_rc|1
GGAGCAGGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTGCCAAAGATGTTATATATCTATAATTGTCC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6601_Genome_Tile_rc|1
TATAAGGGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATTTTCAGTAGGACATCTTGTTGCCAAAGATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6621_Genome_Tile_rc|1
TAACCAAAAAATTATAATCTTTATAAGGGTCAGGTATTTCTGGAGCAGGATTTTCAGTAGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6641_Genome_Tile_rc|1
AACTTCTCTTGCAAATCACTAACCAAAAAATTATAATCTTTATAAGGGTCAGGTATTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6661_Genome_Tile_rc|1
ATTGGTCAAGTTCAGTGGAGAACTTCTCTTGCAAATCACTAACCAAAAAATTATAATCTT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6681_Genome_Tile_rc|1
AAATTTGCGACCTAAGCTAAATTGGTCAAGTTCAGTGGAGAACTTCTCTTGCAAATCAAC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6761_Genome_Tile_rc|1
ACTGTTCTGGAAGTATTTCTAACAGAACTATTGGCAACTGTCCTGACACGTTTTGTGGGC
>HPV88_Gamma_167600365_nt6801_Genome_Tile_rc|1
ATTATCTTAAATATGCAATTATCGTGTTCTGTTTTCTTTTTACTGTTCTGGAAGTATTTCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6821_Genome_Tile_rc|1
TTTATGGGCTTCAGGATGTAATTATCTTAAATATGCAATTATCGTGTTCTGTTTTCTTTTT

>HPV88_Gamma_167600365_nt6841_Genome_Tile_rc|1
CACAGCAATTATTTTCACAGTTTTATGGGCTTCAGGATGTAATTATCTTAAATATGCAATT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6861_Genome_Tile_rc|1
TACCAAGTTGATCCAAGAGTCACAGCAATTATTTTCACAGTTTTATGGGCTTCAGGATGTA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6881_Genome_Tile_rc|1
AGTATTATCAGGCAAGTTGGTACCAAGTTGATCCAAGAGTCACAGCAATTATTTTCACAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6901_Genome_Tile_rc|1
TTAATCAATACATTCCCTTCAAGTATTATCAGGCAAGTTGGTACCAAGTTGATCCAAGAGT
>HPV88_Gamma_167600365_nt6921_Genome_Tile_rc|1
ATGGTATAGCAGCAATTTATTTAATCAATACATTCCCTCAAGTATTATCAGGCAAGTTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt6941_Genome_Tile_rc|1
ACGACCCCATGACTCAACTGATGGTATAGCAGCAATTTATTTAATCAATACATTCCCTTCA
>HPV88_Gamma_167600365_nt6981_Genome_Tile_rc|1
ACACTTATAAGGTCGAGTGGACGGGTGGAGACCATAAATGACGACCCCATGACTCAACTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7001_Genome_Tile_rc|1
ACCTGTCCAGCCTGCTGACCACACTTATAAGGTCGAGTGGACGGGTGGAGACCATAAATG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7021_Genome_Tile_rc|1
TTACTTCGCTGGACAATACTACCTGTCCAGCCTGCTGACCACACTTATAAGGTCGAGTGG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7081_Genome_Tile_rc|1
CTTCCGTTTCGAGAGACGGCTATGTTCCAACAACCTTACCTTTAATGGTTTGACAGCTGGA
>HPV88_Gamma_167600365_nt7121_Genome_Tile_rc|1
AGACGGTTATTATAAAGGCCTTTAGGGCACATTTTGTACCGCTTCCGTTTCGAGAGACGGCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt7141_Genome_Tile_rc|1
AAAAGGCGCCAAAATACCAGAGACGGTTATTATAAAGGCCTTTAGGGCACATTTTGTACCG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7161_Genome_Tile_rc|1
AACTTGCAGTCACGCGAAAAAAGGCGCCAAAATACCAGAGACGGTTATTATAAAGGCCT
>HPV88_Gamma_167600365_nt7201_Genome_Tile_rc|1
CATATTCTGCCATGTGTCTGACTCAATACATGAGTGTCTGAACTTGCAGTCACGCGAAAA
>HPV88_Gamma_167600365_nt7221_Genome_Tile_rc|1
CATAGGCAGGCAGCCAAAACATATTCTGCCATGTGTCTGACTCAATACATGAGTGTCTG
>HPV88_Gamma_167600365_nt7261_Genome_Tile_rc|1
TAATGTCTGTGAACACCACTCCCGGTACCACTCCCGGTACATAGGCAGGCAGCCAAAAA
>HPV58_Alpha_222386_nt0081_Genome_Tile_rc|1
TCCGTGGTTTCTCCTCTGCGTCCTGGAACATAGTCCTGCAGTAGCCTACCAAAAAATGTC
>HPV58_Alpha_222386_nt0141_Genome_Tile_rc|1
CGCATTTCAATTTCGATTTTCATGCACAGATGTCTCCAACGCCTGACACAAATCATGCAATG
>HPV58_Alpha_222386_nt0261_Genome_Tile_rc|1
ATAGCAATCGTAAGCACACTTTACATACTGCAAATGGATTTCCATCTCTATACACTATTC
>HPV58_Alpha_222386_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TCTATACTCACTTATTTTAGATAGCAATCGTAAGCACACTTTACATACTGCAAATGGATT
>HPV58_Alpha_222386_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TATAGCGAATAATTATAATGTCTATACTCACTTATTTTAGATAGCAATCGTAAGCACACT
>HPV58_Alpha_222386_nt0541_Genome_Tile_rc|1
TCTTAGCGTTGGGTTGTTTCCTCTCATGGCGTTGTTACAGGTTACACTTGTGTTTGTCTA
>HPV58_Alpha_222386_nt1001_Genome_Tile_rc|1
GTGTAGTACTTTGTACTGAATCATCTATAAACTCTATTAAATCTGTACCACTATCGTCTG
>HPV58_Alpha_222386_nt1381_Genome_Tile_rc|1
ATTTTGTAATGGAACAGTATTACAACGTCTACATCCGTTTCACCTGCTTACATCTGAACT
>HPV58_Alpha_222386_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TTATGTAGAATATTACTAATATTTTGTAATGGAACAGTATTACAACGTCTACATCCGTT
>HPV58_Alpha_222386_nt3161_Genome_Tile_rc|1
CCCCACATAGTCAACTTCTCCTGCTACCAAAGTACATGTTGTTTCCCTCAATAATATATAT
>HPV58_Alpha_222386_nt3201_Genome_Tile_rc|1
ATTTAAAAATACGTCTTTTCATTGCCATGTATATAATACAACCCACATAGTCAACTTCTC
>HPV58_Alpha_222386_nt3401_Genome_Tile_rc|1

GGAGTCTGGTAAATCGAGTCGTCGTCGCTTTGTCCCCTGTGTACTTTTCGTTGTTGGTGGC
>HPV58_Alpha_222386_nt3421_Genome_Tile_rc|1
GAGTACTGGGTGTTGTCTCTGGAGTCTGGTAAATCGAGTCGTCGTCGCTTTGTCCCCTGT
>HPV58_Alpha_222386_nt3501_Genome_Tile_rc|1
CTTTGTATGTACAGTTAGTTGTACTGTGTAGTCCTCCTCCTCGTGGTCTACTGTCCACGG
>HPV58_Alpha_222386_nt3801_Genome_Tile_rc|1
GTGGTTTACATACAGTAATTGTACAATACAATTACAATGACATAACACCAGTACTTATTT
>HPV58_Alpha_222386_nt3881_Genome_Tile_rc|1
ACAAGCATAAAAACAGTATAAAACAAACAACAAAAATAGGTAATATCATTGTATATACAC
>HPV58_Alpha_222386_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CAATGGCCGCAAAAAAATGCACAAGCATAAAAACAGTATAAAACAAACAACAAAAATAGG
>HPV58_Alpha_222386_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TATATAGAAATAGATAGCACC AATGGCCGCAAAAAAATGCACAAGCATAAAAACAGTATA
>HPV58_Alpha_222386_nt3941_Genome_Tile_rc|1
CCAACACCAGCAACCAAGCATATATAGAAATAGATAGCACC AATGGCCGCAAAAAAATGC
>HPV58_Alpha_222386_nt4081_Genome_Tile_rc|1
TGCAGAACCAGTATACAGTTAGTCTTGTGTTGGGTAAAGTATTGTGCATGAAAATTAATACA
>HPV58_Alpha_222386_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TACAATACCATAACCACCATGTGCAGAACCAGTATACAGTTAGTCTTGTGTTGGGTAAAGTAT
>HPV58_Alpha_222386_nt4121_Genome_Tile_rc|1
CACACACAACAGTAAATATTTACAATACCATAACCACCATGTGCAGAACCAGTATACAGTT
>HPV58_Alpha_222386_nt4181_Genome_Tile_rc|1
AAGACAGTGCTAAAAATATAAAAGTATTTATTAGTAAATGTATAAAAAATAATAAAAACAA
>HPV58_Alpha_222386_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TGTAAGGTATAGCCTCAGACGGTGGGGTACTACCAAGGGGCACATATCCAGTCCTGCCA
>HPV58_Alpha_222386_nt4461_Genome_Tile_rc|1
TAACTGGGGGACGTATGGGCTGTAAAGGTATAGCCTCAGACGGTGGGGTACTACCAAGGG
>HPV58_Alpha_222386_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TGGTAGTAATGTACTTTAGCCCCTATTTGCTTTCCACTGCGAGTACGAAGTGTAGCCTTT
>HPV58_Alpha_222386_nt5181_Genome_Tile_rc|1
GCTGTATGGGACTTAAGTCTTGGTAGTAATGTACTTTAGCCCCTATTTGCTTTCCACTGC
>HPV58_Alpha_222386_nt5221_Genome_Tile_rc|1
AATTCAAATTGTTGCTGCTGTTGTACCTGTTCCCTGGACAGGCTGTATGGGACTTAAGTCT
>HPV58_Alpha_222386_nt5241_Genome_Tile_rc|1
CAGAAGTATTTAAAGATTGTAATTCAAATTGTTGCTGCTGTTGTACCTGTTCCCTGGACAG
>HPV58_Alpha_222386_nt5261_Genome_Tile_rc|1
ATTAATACTATAGGGAGAAACAGAAGTATTTAAAGATTGTAATTCAAATTGTTGCTGCTG
>HPV58_Alpha_222386_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TAAATATCATAAAGTCCATCATTAATACTATAGGGAGAAACAGAAGTATTTAAAGATTGT
>HPV58_Alpha_222386_nt5321_Genome_Tile_rc|1
AGGACTCTGAAAATCATGTATAGTATCAGCATCGTCAGCATAAATATCATAAAGTCCATC
>HPV58_Alpha_222386_nt5341_Genome_Tile_rc|1
AAGGACGTATGTGAGTGCAGAGGACTCTGAAAATCATGTATAGTATCAGCATCGTCAGCA
>HPV58_Alpha_222386_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TACTGGTACGTGTGGTGGCAAAGGACGTATGTGAGTGCAGAGGACTCTGAAAATCATGTA
>HPV58_Alpha_222386_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GACCAGGTTCCAATGACACAAGAGGAGTGTCAAATCCAGTATTTAATGGTATGGACACAT
>HPV58_Alpha_222386_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TACAGAAGATGCAATGTCTGGACCAGGTTCCAATGACACAAGAGGAGTGTCAAATCCAGT
>HPV58_Alpha_222386_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TTAGTGGAGATATAGGAATAAATGGACTAGACATAGATGTTACAGAAGATGCAATGTCTG
>HPV58_Alpha_222386_nt5501_Genome_Tile_rc|1
AATTATGGTATTTAAAGGAGTTAGTGGAGATATAGGAATAAATGGACTAGACATAGATGT
>HPV58_Alpha_222386_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ATAAAATCAGCACCATCCACAATTATGGTATTTAAAGGAGTTAGTGGAGATATAGGAATA

>HPV58_Alpha_222386_nt5541_Genome_Tile_rc|1
TAAATAGCTAGGGTGCACATAAAATCAGCACCATCCACAATTATGGTATTAAAAGGAG
>HPV58_Alpha_222386_nt5801_Genome_Tile_rc|1
ACCCTATACTGTAAAGCCTGATACCTTGGGAACATAACTTTTTTTATTGTTATTGGGACTT
>HPV58_Alpha_222386_nt6441_Genome_Tile_rc|1
GATAACTGCAGTATTACCGGACCCTTTAATATAAAGGTCATCCGGGACAGCCTCGCCAAG
>HPV58_Alpha_222386_nt6461_Genome_Tile_rc|1
GGAAAAAATGCACACTTTTGGATAACTGCAGTATTACCGGACCCTTTAATATAAAGGTCA
>HPV58_Alpha_222386_nt7121_Genome_Tile_rc|1
AAACAAACATGTATAATAAAATAGTGTAAGTACCACAACAATTATTTTTTAACCTTTTTG
>HPV58_Alpha_222386_nt7201_Genome_Tile_rc|1
AGAACATGTACACAAACATGACACATAACACATACACATATACACAAACATAAACAAAC
>HPV58_Alpha_222386_nt7261_Genome_Tile_rc|1
TTTACAATACACACAATAGTTTATTACATATATACAGAAACAGGAAACTGACAAGGACAT
>HPV58_Alpha_222386_nt7341_Genome_Tile_rc|1
GTATGCATAATAGGCAGGGCAGGGTAGGGCAATTTAGGGACAGCACCTTACTCATAGATA
>HPV58_Alpha_222386_nt7361_Genome_Tile_rc|1
ATACAAATACTATTACATAGGTATGCATAATAGGCAGGGCAGGGTAGGGCAATTTAGGGA
>HPV58_Alpha_222386_nt7521_Genome_Tile_rc|1
ATAGGCAAAAGCAGTGCAGGAAGGGAAAGGATTAAGTGTATTGTTAAATTGTAGTTTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0001_Genome_Tile_rc|1
TAGCACTAAAGGGCTAAGTTCTAACTTTACATCTCCAATAGTTGCCTTTTGTCTCTCAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0021_Genome_Tile_rc|1
TCACATAATAAGTTTGCAGGTAGCACTAAAGGGCTAAGTTCTAACTTTACATCTCCAATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0041_Genome_Tile_rc|1
CCTCCTCGGTTACTAATTCATCACATAATAAGTTTGCAGGTAGCACTAAAGGGCTAAGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0101_Genome_Tile_rc|1
ACTGCCCAATCTGTCACAATTCTATAAGGGCTTAAAGCTTGCTCGTCCTGCTGCTCCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0121_Genome_Tile_rc|1
TAATGCTAAGGTTTTGTGACACTGCCCACAATCTGTCACAATTCTATAAGGGCTTAAAGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GTTCCACAGACCTTATTGCCCCGTCCTAGCTAGTACATGTAATGCTAAGGTTTTGTGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0301_Genome_Tile_rc|1
CATGCCGCTTCTGCGTCAATAAAGTCTATTGCATTATAGTCACAAATGTGAGGGGATGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0321_Genome_Tile_rc|1
CCAAAGGGTCTAACTCCTCACATGCCGCTTCTGCGTCAATAAAGTCTATTGCATTATAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0341_Genome_Tile_rc|1
ACTTTCTTCCAATACGGCTTCCAAAGGGTCTAACTCCTCACATGCCGCTTCTGCGTCAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0401_Genome_Tile_rc|1
GGAATTTCCCTCATCTGGCTCCTCCGTATTGTCTATTAGGTCTGAAATATCTGTCCCATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TGCTTATTTAACAATGCTAGGGAATTTCCCTCATCTGGCTCCTCCGTATTGTCTATTAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0441_Genome_Tile_rc|1
GCGTGTGCTCCTCTAGCTGCTGCTTATTTAACAATGCTAGGGAATTTCCCTCATCTGGCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TTTTAGAAATCTTAAGCTGCTGCGTGTGCTCCTCTAGCTGCTGCTTATTTAACAATGCTAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0521_Genome_Tile_rc|1
CAGTCTTGGGCTCAAATCTATTACTGCTTGTGCTTTGGGCTAGGACTAAAGTACTTTTCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0541_Genome_Tile_rc|1
GACGATACACGCAACTGTTGCAGTCTTGGGCTCAAATCTATTACTGCTTGTGCTTTGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0581_Genome_Tile_rc|1
ACTGTCTCAAATACCAGCCGTCTTTTACTGGATCCTTGGGACGATACACGCAACTGTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CATGGCCCCCAGATCTAGTCTCTACATCTGTGCTGACGTCTTCATTGGTTTCGGGCTCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0741_Genome_Tile_rc|1

TACTGGTTGTTGTGCCGCCACATGGCCCCCAGATCTAGTCTCTACATCTGTGCTGACGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0801_Genome_Tile_rc|1
CAGTGGCTTCTCTATTACTACTATGCAATAGGTCTATACAATTGTTGTTACTATTATTGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0821_Genome_Tile_rc|1
GGCTTTAAATTTTGCATATGCAGTGGCTTCTCTATTACTACTATGCAATAGGTCTATACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0861_Genome_Tile_rc|1
TGAATGGTCTTGTTAATTCCTTATATCCCACATCAAATGTGGCTTTAAATTTTGCATATG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0881_Genome_Tile_rc|1
GCAACAGCTTTTATTACTTATGAATGGTCTTGTTAATTCCTTATATCCCACATCAAATGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt0921_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGCTACCACCCCAAATATCCCCGCTATCCAAGTGCAGCAACAGCTTTTATTACTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1001_Genome_Tile_rc|1
AACGCCCCGTCCCCATGCTTGGATTTATAATTTGCAGGTATTACAAATGTGGTTGCAGTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1041_Genome_Tile_rc|1
GACATTTTGCAGCATAAACTGAAACAACATCATTACTGTAACGCCCGTCCCCATGCTTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1061_Genome_Tile_rc|1
TAAATTTATTACAGTATCCCGACATTTTGCAGCATAAACTGAAACAACATCATTACTGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1101_Genome_Tile_rc|1
TTATAATTTGCCATTCCCGTACATGCAATACATTACACAATAAATTTATTACAGTATCCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1121_Genome_Tile_rc|1
CCTATGCTTTGGTGGATTAGTTATAATTTGCCATTCCCGTACATGCAATACATTACACAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1141_Genome_Tile_rc|1
TATAATGCTACAGCAACACTCCTATGCTTTTGGTGGATTAGTTATAATTTGCCATTCCCGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1181_Genome_Tile_rc|1
ATAACAATAGCTAACATTAGACATACTTGTTTATAAAAAGTATAATGCTACAGCAACACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1201_Genome_Tile_rc|1
ATCCACTCTGGCATTGCTCCATAACAATAGCTAACATTAGACATACTTGTTTATAAAAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1261_Genome_Tile_rc|1
ATAGTTGCAAATTCAAAGTTGTCTGACTCCTGTTGATGATTAACCAATGTTTGTTTTTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TATCGTCGTCTGCAAGGCTTGCATATCCATAAGCAACTTCTGCCTCATCTCTAATATTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TTTATACATTGCAACCATTTGTACACAGTCTTTTACATATTTGAATTGATTATTACATTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1521_Genome_Tile_rc|1
TTAAAAAATTAATAATATTTTTTCCAATTGCCTTCTTCTGTTACACGTTCTCCACATTTCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TTCCTTGTAAGGAAGTATCTTAATGTTGTTAAAAATGCCACTATAGATATTTCTTGATATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1601_Genome_Tile_rc|1
TAAACAGTTTTTTTTTGGCCTTCCTTGTAAGGAAGTATCTTAATGTTGTTAAAAATGCCAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1681_Genome_Tile_rc|1
GATACCACCTTACCTTGGGTATATTTTATTAAGCTATAGCAAAACATTGATTTGCCCGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1701_Genome_Tile_rc|1
GGCTTCTGCTATTTACAAACGATACCACCTTACCTTGGGTATATTTTATTAAGCTATAGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1881_Genome_Tile_rc|1
TAGAGGTTAGAAGTAATGGCGGTAGTTTTAATTGTATTGGTGCCTTATGCTTTACATCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1921_Genome_Tile_rc|1
TGTAATATTTTAAATGGGGCTTCTGCATGTACTTCAATGTTAGAGGTTAGAAGTAATGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1941_Genome_Tile_rc|1
TGTATTCTTGAATTCTGCTATGTAAATATTTAATGGGGCTTCTGCATGTACTTCAATGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1961_Genome_Tile_rc|1
ACGCAATTTATTTGGAAATTTGTATTCTTGAATTCTGCTATGTAAATATTTAATGGGGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt1981_Genome_Tile_rc|1
GGATTTCCATTTGCATCTAAACGCAATTTATTTGGAAATTTGTATTCTTGAATTCTGCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2001_Genome_Tile_rc|1
CATCAGTAATTGTTATTATTGGATTTCCATTTGCATCTAAACGCAATTTATTTGGAAATT

>HPV101_Unclassified_109390389_nt2061_Genome_Tile_rc|1
CGTCTGGATCGCCCAGGTCTAATTGCTTCCACAGTTTACTAAAAAAGATTTCCAATCTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2081_Genome_Tile_rc|1
AGGGTCTCCATCTGAGCTGTCGTCTGGATCGCCCAGGTCTAATTGCTTCCACAGTTTACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2161_Genome_Tile_rc|1
CTATTTGTCCATCTATGTCTGTGCGGCCTGCTTCATAAATCCCCAGTAGCCTGTCTTGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2181_Genome_Tile_rc|1
CCTTACAAGGTCCCAATGTACTATTTGTCCATCTATGTCTGTGCGGCCTGCTTCATAAAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2201_Genome_Tile_rc|1
TGCAGTAATACATATTCCTGCCTTACAAGGTCCCAATGTACTATTTGTCCATCTATGTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2221_Genome_Tile_rc|1
TACCGTTTTTTCTGGCATAGTGCAGTAATACATATTCCTGCCTTACAAGGTCCCAATGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2241_Genome_Tile_rc|1
TTGTATGCCCAAATTGCTAATACCGTTTTTTCTGGCATAGTGCAGTAATACATATTCCTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2261_Genome_Tile_rc|1
GTGGCCAATGACGGTACTTTTTGTATGCCCAAATTGCTAATACCGTTTTTTCTGGCATAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2341_Genome_Tile_rc|1
GTTTCATTTCCAAATGCAGAGTTCTTTAGACTTTTTAGCACTATGCCCATTAATATAGCCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2361_Genome_Tile_rc|1
TGTATCTGTCAATGTCCATTGTTTCATTTCCAAATGCAGAGTTCTTTAGACTTTTTAGCAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2421_Genome_Tile_rc|1
TATGGTTTTTCCTTGTTTTTTTAAATGTATGCGATGGAGGTGTCATAAACAGTTCATAGCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2441_Genome_Tile_rc|1
TTATTTCCATACCACACCTCTATGGTTTTTTCCTTGTTTTTTTAAATGTATGCGATGGAGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2461_Genome_Tile_rc|1
ATGGCACTGCATTGTCCTCATTATTTCCATACCACACCTCTATGGTTTTTCCTTGTTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2541_Genome_Tile_rc|1
GCCGTCTGCAGATACCTGTCCACGGGCCTTGTAACCAATTGTCCTGTGCGTCTTGTAATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TCCCAGTCTATATAGTACAGGCCGTCTGCAGATACCTGTCCACGGGCCTGTACCAATTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2581_Genome_Tile_rc|1
CATAGAAATGTTTATTTCTTCCCAGTCTATATAGTACAGGCCGTCTGCAGATACCTGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2601_Genome_Tile_rc|1
TGCCTCATCTGCAAACCGCACATAGAAATGTTTATTTCTTCCCAGTCTATATAGTACAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2641_Genome_Tile_rc|1
CAGTTCGTACTTGCCATTCAATTTGCTGCATCAAATTGTGTTGCCTCATCTGCAAACCGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2661_Genome_Tile_rc|1
ATTAGATATTATTTCACTTTTCAGTTTCGTACTTGCCATTCAATTTGCTGCATCAAATTGTGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2741_Genome_Tile_rc|1
TCGTGTCTGGAAGTTTCATAGGTGATGGCAGAAGATCCAGTAGGCCTCGGGTCGCTCCGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ATCTCCTAGTCCTCCTCGTGTCTGTTGGAAGTTTCATAGGTGATGGCAGAAGATCCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2801_Genome_Tile_rc|1
GTCGCGGATGGGCTGGGGACGGTCGGGGTCTTTTAGTAGATCTCCTAGTCCTCCTCGTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2861_Genome_Tile_rc|1
CTTTGTTGGATTTCGTCGGCTTCTGGTATGGTGCCAGGGGTATCGCTTTCGGTCGCCGAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2881_Genome_Tile_rc|1
GTCGTTGGGATTTATGTTTTCTTTGTTGGATTCTGTCGGCTTCTGGTATGGTGCCAGGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2901_Genome_Tile_rc|1
AGACTCGGATCCCCACCTGGGTCGTTGGGATTTATGTTTTCTTTGTTGGATTCTGTCGGCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2921_Genome_Tile_rc|1
GATGAAGGAGACTGGATAGGAGACTCGGATCCCCACCTGGGTCGTTGGGATTTATGTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt2961_Genome_Tile_rc|1
ACGATAGTGTCTATTAGGCAGTCGATGTCTTGCCCCACTGATGAAGGAGACTGGATAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3041_Genome_Tile_rc|1

CATTTGGTAGTATTTGCAGGCCCTTTAATAAGTATTACTGGCGGATCCCTAGCCTCGTCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3101_Genome_Tile_rc|1
AATGCAGTGCTTATACTTTCAAATAGCGCCCTATAATTTTGTTCATTCTATACCTCCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3121_Genome_Tile_rc|1
CCCTATCACCTACCCATGAAATGCAGTGCTTATACTTTCAAATAGCGCCCTATAATTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3161_Genome_Tile_rc|1
AATGCTACTAATACCCTACTACACCCTACCCTATCTGAGCCCCTATCACCTACCCATGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3221_Genome_Tile_rc|1
TGTGTACCCTTTGGTAACTTCACAGTATGTAAAAACCTTTCCCGTTGGCTATTATTTCTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3241_Genome_Tile_rc|1
CCAGGTTTCCAAATGAAAACCTGTGTACCCTTTGGTAACTTCACAGTATGTAAAAACCTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3261_Genome_Tile_rc|1
CATGTGTGGTTACAGGGATTCCAGGTTTCCAAATGAAAACCTGTGTACCCTTTGGTAACTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3281_Genome_Tile_rc|1
CAAATAGGCAGCATTACTGGCATGTGTGGTTACAGGGATTCCAGGTTTCCAAATGAAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3341_Genome_Tile_rc|1
CAAAAGAAGTATAATATACAAGGTACACAAAATCACAAGAGGCAGATGTGATGCTATTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3401_Genome_Tile_rc|1
ACGCTTTTCGCCTACGTGCATGTGGAGGCTCCATTGATTATACAAGGTAGCAAAGCAGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3421_Genome_Tile_rc|1
TATATATTTTCAACTGTGTACGCTTTTCGCCTACGTGCATGTGGAGGCTCCATTGATTAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3461_Genome_Tile_rc|1
AACATCATCAGGGCATGTACCAGACAGGGCACAATGCCTGTATATATTTTCAACTGTGTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3521_Genome_Tile_rc|1
AATACTTGCAATCCATTTTAATATCCTATCTGCAATGGTATTATTTTCCACTTTATTTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TGGGTACAATATCAGATGGTCTACAGGATCCAAAACAACCCAGGACGTAGTACAGTAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3701_Genome_Tile_rc|1
AGTAGGTGATATAGGATCAATGGGTACAATATCAGATGGTCTACAGGATCCAAAACAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3721_Genome_Tile_rc|1
AAAGGAACAATAGAGGATGCAGTAGGTGATATAGGATCAATGGGTACAATATCAGATGGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3741_Genome_Tile_rc|1
GTGTTTCAGGTACAGTCTCCAAAGGAACAATAGAGGATGCAGTAGGTGATATAGGATCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CACAGGAACATCAGGTATTTGTGTTTCAGGTACAGTCTCCAAAGGAACAATAGAGGATGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3821_Genome_Tile_rc|1
AATATCTGATACAGGGTCAGTACCAACGGTAACCTCCAATTCACCTCCAACAGGGGGTCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GGTCTATGGGTGTAATAGCAGGCGAGGTGGCCTCTATAGTAATATCTGATACAGGGTCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3901_Genome_Tile_rc|1
GTAGATGTAGGAGGTTGTGCCTCAATAACGGCACTTGTGGGGTCTATGGGTGTAATAGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TTACTGAAACACGCTTAGGAGTAGATGTAGGAGGTTGTGCCTCAATAACGGCACTTGTGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3941_Genome_Tile_rc|1
ATTAACATGCCGTGTGCTTGTACTGAAACACGCTTAGGAGTAGATGTAGGAGGTTGTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TATACCGATATGTAAGAAGGATTAACATGCCGTGTGCTTGTACTGAAACACGCTTAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4041_Genome_Tile_rc|1
TAATAACCCGTCCTCACCACAGCTGCCCTACAAACACCTCAGCACCAGCCTGTGTTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4061_Genome_Tile_rc|1
AGGTATAGATTCACCTATACTAATAACCCGTCCCTCACCACAGCTGCCCTACAAACAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AGGCCCTTTGAAATACACGAGGGGTACTGGTCCGTGGGGGCGTAACAGCCTCCTCAATAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4181_Genome_Tile_rc|1
AAGGTCCCGTGCACGTTGAAAGGCCCTTTGAAATACACGAGGGGTACTGGTCCGTGGGGG

>HPV101_Unclassified_109390389_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTACACGTCTGTTATAAAGGTCCCGTGCACGTTGAAAGGCCCTTTGAAATACACGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4221_Genome_Tile_rc|1
CCATATTGTGTGTTTGTACTTGTGTACACGTCTGTTATAAAGGTCCCGTGCACGTTGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4461_Genome_Tile_rc|1
CTATTTGTAATCCACTGCGTGTTACAATAGTGCCCCGGCGACCTAGGCGACTAAGACGCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4501_Genome_Tile_rc|1
TCTATAGAGCTGAAATCATAATAAAAAATGCACATTGGATCCTATTTGTAATCCACTGCGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4521_Genome_Tile_rc|1
GCAATTCAACTGAGCCAGCATCTATAGAGCTGAAATCATAATAAAAAATGCACATTGGATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4581_Genome_Tile_rc|1
TGTTAGCAGATGCTAAGCCATCAACAATAGAGGCCACCCAGATTGCTGACCAAGTGGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4621_Genome_Tile_rc|1
GTATGACCTTCTATAAAAGATGTTTCAGCACTGCCATTAATGTTAGCAGATGCTAAGCCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4641_Genome_Tile_rc|1
CACCCGTAGGGCCAACAAGTGTATGACCTTCTATAAAAGATGTTTCAGCACTGCCATTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4661_Genome_Tile_rc|1
CGTGTCAACAAGTCAGCCTCACCCGTAGGGCCAACAAGTGTATGACCTTCTATAAAAGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4681_Genome_Tile_rc|1
CTTCCAAACTCTTCTGAGTACGTGTCATACAAGTCAGCCTCACCCGTAGGGCCAACAAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4701_Genome_Tile_rc|1
GTGTAAGTAACAATCGAGAACTTCCAAACTCTTCTGAGTACGTGTCATACAAGTCAGCCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4741_Genome_Tile_rc|1
CGAACCAAAGGAGGGACCTGAACAGCAGGAACCTGCCTGAGGTGTAAGTAACAATCGAGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TAAGATTTGTAGGGCTGTGCCTGGAGGAAGTGTCAGGACACGAACCAAAGGAGGGACCTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4801_Genome_Tile_rc|1
AGACCCCTACATCTGAGAGTAAGATTTGTAGGGCTGTGCCTGGAGGAAGTGTCAGGACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4821_Genome_Tile_rc|1
AAGGCACAGAAAAAGGTACAAGACCCCTACATCTGAGAGTAAGATTTGTAGGGCTGTGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4841_Genome_Tile_rc|1
AGGAATAACAGGATGTACAGAAGGCACAGAAAAAGGTACAAGACCCCTACATCTGAGAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4901_Genome_Tile_rc|1
AAATGCATCAAAACCATCCACAACAATAGGAGGTTTCAGACACATCTGGAAACACAGTGCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt4921_Genome_Tile_rc|1
GGATGCAATAAAATGTATCAAATGCATCAAAACCATCCACAACAATAGGAGGTTTCAGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TCCTAGACACAGGAGGAGCTGGAGGTAGGTATATTTTACCAGTCTGAGGTAGCCACAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5081_Genome_Tile_rc|1
AATACAGATGTTTCCACAACATATTCATCGGTGGTAAGACTCCTAGACACAGGAGGAGCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5161_Genome_Tile_rc|1
CAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGGGGTGACCCACAGTTACTAGAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5181_Genome_Tile_rc|1
GCCAGAAACCTTAGGAACCTCAACGGTGTGATTGCCTGGTTTTATAACGGGAAAATAGGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TGGGATCTGGGAGACGTAGGCGAAAAGCCCTAAACTGGTTGCCAGAAACCTTAGGAACCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AATATCAATTCCCTCTAAGACGCCACACGAGGCGCTCCGATTCAACATTATACAATTGTTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5421_Genome_Tile_rc|1
AACATTTTGTCTAGCGTCCTTAGCACCAACCTTTTGATATCCATTAGGATTTTCAGTATC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GTTTGTTTAGGATCCATAGAAACATTTTGTCTAGCGTCCTTAGCACCAACCTTTTGATAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5561_Genome_Tile_rc|1
ATAACAGAGGACCAACTGTAAAGGAGGACAGGTGCCTTTAGGAGGATTTTGTGCACAT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5661_Genome_Tile_rc|1

AGTATCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAGTGATCAGCCTGCAAGGCAGCAAAATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5681_Genome_Tile_rc|1
AGAAAGTCTGGCCATTTACAAGTATCTGCAACAATATCTAGGGGTACCCCTGAGTGATCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5741_Genome_Tile_rc|1
ACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACATACCATCCCCAACCTATCATTGGCCATACCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5761_Genome_Tile_rc|1
TGAAATAATGACGTGCATACACCTGCTCGCGGCGGCCAAAGAAAAACATACCATCCCCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5861_Genome_Tile_rc|1
TGATGCTGGTCCTGGCCTTGCTCAGCACCAATAAAATACTTTTTACCATTACCCTCAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5881_Genome_Tile_rc|1
AATATAAAGAGGGAGCCAGCTGATGCTGGTCTGGCCTTGCTCAGCACCAATAAAATACT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt5981_Genome_Tile_rc|1
CATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATCCAGTAGGGCTACTAAATAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6001_Genome_Tile_rc|1
TAACAAATACATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAGCACCCCTGAGCCCGTTCAATCC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6021_Genome_Tile_rc|1
GTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTATTATTCCATAATACAGCATTATTAGC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6041_Genome_Tile_rc|1
TTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAGTAACAAATACATTATTATTC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6061_Genome_Tile_rc|1
TATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATTGTGGGTATTATCAACCAAAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6081_Genome_Tile_rc|1
TGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACATTAATAGTAAAATTCACATT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6101_Genome_Tile_rc|1
CTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAATATTATCTTCTGTAGCAACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6121_Genome_Tile_rc|1
TTTCAAATTCCTCCACATGTCTGAGGTAGTGCTTGTACTTTGCAGAATCATAGGACTGAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6161_Genome_Tile_rc|1
GGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAATTTCAAATTCCTCCACATGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6181_Genome_Tile_rc|1
GTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACAGAGCTGCACAATGAGAGAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6201_Genome_Tile_rc|1
AATAGAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCGGGAGTAAGAGACACTTTACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6221_Genome_Tile_rc|1
CCTAATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAGTGTATGTGTGCCAATACATCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6241_Genome_Tile_rc|1
TAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTCATCCAGAATAGAGGGATTCATTAAAGT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6261_Genome_Tile_rc|1
GTAAGTGGTTTTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATACCTAATTGCCATTCATCCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6281_Genome_Tile_rc|1
GCAAGAGAATCAATATATCTGTAAGTGGTTTTCAATAGAGGTAGACGGTGGAGCCGCAATA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6341_Genome_Tile_rc|1
GACATTTTGTTCATATGGATCTTCCTTTTCTTAGGAGGCTCTGCTGTGGGACACATTGTA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6401_Genome_Tile_rc|1
CCAAGAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTGATAAATCAACCACCCAAAAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6421_Genome_Tile_rc|1
TTTGATGTAAAAAGCGCCTACCAAGAGGATAGGCCCTAATTCAGAGGACATTCTGTCTG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6441_Genome_Tile_rc|1
CGCAGGCCGGGCGAGACCCTGTTTGATGTAAAAAGCGCCTACCAAGAGGATAGGCCCTAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6521_Genome_Tile_rc|1
TAAACTTGCTGCGTCGGCGTTTGGAAGACCTGGAGGTAGGCCTGGTAGGCGTAGAAGGA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6581_Genome_Tile_rc|1
TAAGAGTATAGAAATGTAAAATGTACAGAGGTAGGAATGTTGTAAAATACATATAATGTT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6641_Genome_Tile_rc|1
GAGTCAGAAGAAATAACTCATACAACGACAATGTTGACATGCTACATACTTTATTTATTA

>HPV101_Unclassified_109390389_nt6681_Genome_Tile_rc|1
CCAAATACTAAAAGCCCAGGTGTGGCCAAAATACTGCCCTGAGTCAGAAGAAATAACTCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6821_Genome_Tile_rc|1
AGTAATACATTTGTTTAAAACATGAACATACCTGCTGGCAAATTTGGCAGCAAATGTACCA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6841_Genome_Tile_rc|1
AAAACGTTGCAAAACACATGAGTAATACATTTGTTTAAAACATGAACATACCTGCTGGCAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6861_Genome_Tile_rc|1
GTGGAATGTAGCCAGTACCTAAAACGTTGCAAAACACATGAGTAATACATTTGTTTAAAAC
>HPV101_Unclassified_109390389_nt6901_Genome_Tile_rc|1
AATAAGAGAAAAAGGCACTGTAAAAGCACCGCTCCCGGTTGTGGAATGTAGCCAGTACCT
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7001_Genome_Tile_rc|1
CAAAGGACCGTTGTATAGGCCCCCTGCTGTATATATAGACACTGCCACACCACTCCCG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7041_Genome_Tile_rc|1
GTCCCCAGTCTACCTCCCAGTACATGCACACAGGCGGTTCGAAAAGGACCGTTGTATAGG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7081_Genome_Tile_rc|1
ATAAGCAGTAATATAGGTACAATATTCATAACATTACACAGTCCCCAGTCTACCTCCCAG
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7101_Genome_Tile_rc|1
CACAAATATACAATTGCCACATAAGCAGTAATATAGGTACAATATTCATAACATTACACA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CCCGTATTCCCAACAATAAAAATATCTTAATAAGGCTAAGCACAGTAATTAAAAACACAA
>HPV101_Unclassified_109390389_nt7181_Genome_Tile_rc|1
CAACTGGCCGTGTCCCTATACCCGTATTCCCAACAATAAAAATATCTTAATAAGGCTAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0001_Genome_Tile_rc|1
TAATACTAAACTATGTAGTTCTAAGTTAATATCTTTAATTGTTGGTTTCTTTCCCTCAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0021_Genome_Tile_rc|1
CCACAGAGTAAATTTTGTGGTAATACTAAACTATGTAGTTCTAAGTTAATATCTTTAATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0041_Genome_Tile_rc|1
CCTCCTCCACAAGTTCTTACCACAGAGTAAATTTTGTGGTAATACTAAACTATGTAGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0141_Genome_Tile_rc|1
TCCGTGGCTACCACATACATACACAATGACTTCTCACAATACTTGCAATCTGTCACCACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0161_Genome_Tile_rc|1
CAAAGTTTCTAATGCCCTCCTCCGTGGCTACCACATACATACACAATGACTTCTCACAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TCTGTTTCTATAAACTCACAAGCATTTGCTGTAATGTCAGTAAAGCAAGATGTACCTTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0341_Genome_Tile_rc|1
TAATGCTTCCAATGAATCTAAACCATCCTCACAGGTCGCTTCTGTTTCTATAAACTCACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0401_Genome_Tile_rc|1
ATCAGGTTTCATCAATATTTTCTATTAGTTCTGAAATATCTGTCCCATCGCTCTCTTCAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0421_Genome_Tile_rc|1
AGTGCTTGGGGATTCCCCCTATCAGGTTCAATATTTTCTATTAGTTCTGAAATATCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TAGTAGCTGACTGTCTTCTTAGCTGTTGCCATTTTAAACAGTGCTTGGGGATTCCCCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0541_Genome_Tile_rc|1
CACAGCGCTTCAAGTCGTGGGCTTAAATCTATTACCCGCTGCTTCGGGCTAGGACTAACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0561_Genome_Tile_rc|1
TGGATCCTCGTGGCGACACACAGCGCTTCAAGTCGTGGGCTTAAATCTATTACCCGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0581_Genome_Tile_rc|1
AAATAGTCGTCTTTTACTGCTGGATCCTCGTGGCGACACACAGCGCTTCAAGTCGTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0701_Genome_Tile_rc|1
TGCACATACAGCATTTTTCATCCCATTAGTCAATGTCCCTGAATTAGTCAATGCCCTCCGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CGTGTGTCGCCATCCTGCGTTGCACATACAGCATTTTTCATCCCATTAGTCAATGTCCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0741_Genome_Tile_rc|1
TGTGTAAATATCCAGGCACCGTGTGTCGCCATCCTGCGTTGCACATACAGCATTTTTCAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0861_Genome_Tile_rc|1

TTGCTGCTACCCAGCTATGACAACATGACTTATTACTTTGAAATGGCCTGGTTATTTTCCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0881_Genome_Tile_rc|1
TTCTGCTACAACACCAAATATTGCTGCTACCCAGCTATGACAACATGACTTATTACTTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0901_Genome_Tile_rc|1
GTCTTAGCCGCTTCCAACATTTCTGCTACAACACCAAATATTGCTGCTACCCAGCTATGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0921_Genome_Tile_rc|1
CACAATGCACTTTAAATAGCGTCTTAGCCGCTTCCAACATTTCTGCTACAACACCAAATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0941_Genome_Tile_rc|1
ATTAATAATTTGTAAATAATCACAATGCACTTTAAATAGCGTCTTAGCCGCTTCCAACAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0961_Genome_Tile_rc|1
ACTCCTGTACCCATACTAGGATTAATAATTTGTAAATAATCACAATGCACTTTAAATAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt0981_Genome_Tile_rc|1
CAAACAAGCATAATACAGTAACTCCTGTACCCATACTAGGATTAATAATTTGTAAATAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1001_Genome_Tile_rc|1
ACATTTAGAACTTGAAAACCTCAAACAAGCATAATACAGTAACTCCTGTACCCATACTAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1021_Genome_Tile_rc|1
AGTTTTTGTACAGTATCTCTACATTTAGAACTTGAAAACCTCAAACAAGCATAATACAGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1041_Genome_Tile_rc|1
CGTTTAGCACATTGCTAATCAGTTTTTGTACAGTATCTCTACATTTAGAACTTGAAAACCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1061_Genome_Tile_rc|1
TATTATTTGATGTTCCCTGCACGTTTAGCACATTGCTAATCAGTTTTTGTACAGTATCTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1101_Genome_Tile_rc|1
ACAATGCTACTGGTACACTTCTATGTGCGGAGGATCTGTTATTATTTGATGTTCCCTGCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1141_Genome_Tile_rc|1
TGTACAAAACCTTGTATTAGACATGCTTTGTTTATAAAAAACAATGCTACTGGTACACTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1221_Genome_Tile_rc|1
TATGAGACAGTTCAAATGAGTCTGCCTCCTGCTGGTGGTTTAGCATAGTTTGTCTTTTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TATATTGCTGGTTGCTTTTTTAGCCATGCTGCTGCATTTGGTTCCACATCTGCTAAACATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TTGTACATTCTAACCATTTTTTGACAATCTGACACATACTTATATTGCTGGTTGCTTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TTTGTTCGATTTTCATACTTTTTGTACATTCTAACCATTTTTTGACAATCTGACACATACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1441_Genome_Tile_rc|1
ATATGCTCTCCACATTTTTTTTATCCACTGTGCCATACTCATTGTTCGATTTTCATACTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TAATAGGTTTATAATTTTTTTTCCAGTCTCCGTCTGTTTCTATATGCTCTCCACATTTTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1521_Genome_Tile_rc|1
AACTTGTTAAAAATGCTATTACTGATATTTCTGATATTTTAAATAGGTTTATAATTTTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1541_Genome_Tile_rc|1
TCCCTTTAAAAACATTCTAAACTTGTTAAAAATGCTATTACTGATATTTCTCTGATATTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1581_Genome_Tile_rc|1
CTGGAGGTCCCCATAGTGCTATACAGTTTTTCTTTGGTTGTCCCTTTAAAAACATTCTAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1761_Genome_Tile_rc|1
AAGCACTTCTCATATACACATCCATAAATTGGAAACATGGAAATGTAGCATCGTCTATAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1781_Genome_Tile_rc|1
AGACACCTCGTTTCCATCTAAAGCACTTCTCATATACACATCCATAAATTGGAAACATGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1821_Genome_Tile_rc|1
GTAATTTAATTTGCACCTGGTACCCTATGCTTACAATCCACAGACACCTCGTTTCCATCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1881_Genome_Tile_rc|1
GCAGGTATTTTAAAGAGGCCTCCGAATGCATATCTATGTTGGAGGTAACAAGTAATGGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1901_Genome_Tile_rc|1
AAAACCTTGTAATTCTACTCTGCAGGTATTTTAAAGAGGCCTCCGAATGCATATCTATGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt1921_Genome_Tile_rc|1
GGAAGTTTATGTGGAACTTAAACTTGTAATTCTACTCTGCAGGTATTTTAAAGAGGCC

>HPV103_Unclassified_109390382_nt2041_Genome_Tile_rc|1
GGGTCTCCATTTGTACTGTCTTCTGGGTCAAAAGGTCTAACTGCTGCTCCAGCTTGCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2121_Genome_Tile_rc|1
TATTTGGGATTCCAGGTCTGAGCGTCCGGCCTCATAAAGCCCCAGTAGTTTCTCTTGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2141_Genome_Tile_rc|1
CTTACAAGATCCCAGTGTTGTATTTGGGATTCCAGGTCTGAGCGTCCGGCCTCATAAAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2161_Genome_Tile_rc|1
TTAGCAGTACATGCTCCTGCCTTACAAGATCCCAGTGTTGTATTTGGGATTCCAGGTCTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2221_Genome_Tile_rc|1
CTGCCAATGGGGGCACTTTTTGTAGGCCCAATGTTTGTATGCCCTGCCTTCTGGCATAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2261_Genome_Tile_rc|1
AACTGCATCATAATAGCAGTTTTGGCTTTGCTTTCAGATGCTGCCAATGGGGGCACTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2321_Genome_Tile_rc|1
GTATCTGTAAATGTCCATGGTTCCTGCCCATATTGGGATTTCTTTAGGCTTTTCAGCACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2341_Genome_Tile_rc|1
TGGTAAATAGTTCATGGCTTGTATCTGTTAATGTCCATGGTTCCTGCCCATATTGGGATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2421_Genome_Tile_rc|1
TGGCATAGCTTTTTCTTCCTCGTTGTCAAATAACACTTCCACAGTTACACCTCCTTTTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2441_Genome_Tile_rc|1
ATTAGTCTCCATAGTGTATATGGCATAGCTTTTTCTTCCTCGTTGTCAAATAACACTTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2481_Genome_Tile_rc|1
ATGTGTTTTATGCCACAGCTCATCTGCATCTTGATAATATATTAGTCTCCATAGTGTATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2521_Genome_Tile_rc|1
CCATGTCTATAAAGTACAGGCCATCCGCGTCTACCTGTCCATGTGTTTTATGCCACAGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2541_Genome_Tile_rc|1
ATAATAGTGTTTTTGCTTTTACCATGTCTATAAAGTACAGGCCATCCGCGTCTACCTGTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2561_Genome_Tile_rc|1
GCTTCCTTGGTAAAATGCACATAATAGTGTTTTTGCTTTTACCATGTCTATAAAGTACAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2581_Genome_Tile_rc|1
CTTTTTGTCCATATTTTACTGCTTCCTTGGTAAAATGCACATAATAGTGTTTTTGCTTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2601_Genome_Tile_rc|1
AGTCCTCACTTGCCACATCCCTTTTTGTCCATATTTTACTGCTTCCTTGGTAAAATGCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2621_Genome_Tile_rc|1
CCAAATAATACATCAGTTCAGTCCTCACTTGCCACATCCCTTTTTGTCCATATTTTACT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2701_Genome_Tile_rc|1
CTTTTCTGGCGCTTCGGGTGACTTGTGCGGTGGTGTACCTTGCTCGGCCCCCGTCAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2721_Genome_Tile_rc|1
GGAATGTCTTCGTGCTTTGCCTTTTCTGGCGCTTCGGGTGACTTGTGCGGTGGTGTACCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2761_Genome_Tile_rc|1
TCTCTGTGGTCGTCGAGGTGGTCGAGGGGGTTGCCTTCTGGAATGTCTTCGTGCTTTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2781_Genome_Tile_rc|1
AGCCGAATCCTCTGAGTCGGTCTCTGTGGTCGTCGAGGTGGTCGAGGGGGTTGCCTTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2921_Genome_Tile_rc|1
GACGGATAGTTTCTATCAGGGCTTCGATGTCGCGATCCCACTGCTGCAGCAGTGTACAGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt2941_Genome_Tile_rc|1
CTTGTAGCCTTGCAAGTCTTGACGGATAGTTTCTATCAGGGCTTCGATGTCGCGATCCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3021_Genome_Tile_rc|1
TATTCTACACCTGTACCTCCAACATTTCAATGTATTTGAAGGCCCTTTAACTAATAATAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TGAAATAAGCCTCTATATTTTATTCTACACCTGTACCTCCAACATTTCAATGTATTTGAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3061_Genome_Tile_rc|1
TAAAGCTGTGCTAATACACTGAAATAAGCCTCTATATTTTATTCTACACCTGTACCTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3081_Genome_Tile_rc|1
ACCCGCATCCGCCACCCATGTAAAAGCTGTGCTAATACACTGAAATAAGCCTCTATATTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3101_Genome_Tile_rc|1

CTAGCATTTCTTAATTGTGGACCCGCATCCGCCACCCATGTAAAAGCTGTGCTAATACAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3141_Genome_Tile_rc|1
CTTTTCCCTTTGTGATGTATTAGTAAATCCTACTATTATTCTAGCATTTCTTAATTGTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TGAATCAAGGTTTCCTAATGCACTACTTGTGCCTTTAGGTAATTTACAGTTTGTATAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3241_Genome_Tile_rc|1
TAATATACAGGGGACCATTGGCAGCATTATTGGCTTAAAATGAATCAAGGTTTCCTAATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3261_Genome_Tile_rc|1
TACCTATGTAAGGGTTAGGATAATATACAGGGGACCATTGGCAGCATTATTGGCTTAAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3301_Genome_Tile_rc|1
CCATGTAAGCTATTTACAACATATATAGTACATACACTTATACCTATGTAAGGGTTAGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3321_Genome_Tile_rc|1
TCGCTTTTTCGGTTGTACATCCATGTAAGCTATTTACAACATATATAGTACATACACTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3361_Genome_Tile_rc|1
CACAATGTTTATATATATTTTCCACAGTATCCCGTTTTTGTCTGCTTTTTCGGTTGTACAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3381_Genome_Tile_rc|1
AGGACATGTGCCTGACCCTGCACAATGTTTATATATATTTTCCACAGTATCCCGTTTTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3441_Genome_Tile_rc|1
AATCCATTTTAACAGTTTGTCTGCTAATGTTGTTGCTCTACTTTATTTTAAACATCCTC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CCAAAGTAAACCACACTGGCAATCCATTTTAACAGTTTGTCTGCTAATGTTGTTGCTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3561_Genome_Tile_rc|1
ACCCTGTGATGTTACCCGACCCCACTGCAGACCCCGACCCAATGGGAACATAGCCAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TATAGGAACATATACAGGAGGCCCAATAGGATCTACCACAACACCCGGACGTACTACAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3641_Genome_Tile_rc|1
GACTGTGGTGTAAGTGCATCTATAGGAACATATCAGGAGGCCCAATAGGATCTACCACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3661_Genome_Tile_rc|1
CTAATGGTACCACAGAGGAGGACTGTGGTGTAAGTGCATCTATAGGAACATATCAGGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3681_Genome_Tile_rc|1
AACAATCTCAGGTATTACCTCTAATGGTACCACAGAGGAGGACTGTGGTGTAAGTGCATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TCAGGGGGCGTAGGGTCGCCAACAATCTCAGGTATTACCTCTAATGGTACCACAGAGGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TAATATTAGGAGTAGATATATCAGGGGGCGTAGGGTCGCCAACAATCTCAGGTATTACCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TACAGGATCTGTTACAGTAATAATATTAGGAGTAGATATATCAGGGGGCGTAGGGTCGCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3761_Genome_Tile_rc|1
GTGTCTAGTGTTATGTCAGATACAGGATCTGTTACAGTAATAATATTAGGAGTAGATATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3801_Genome_Tile_rc|1
AGCACTGGTGGGGTCAATAGTAGCAACAGCAGGAGAGGTGGTGTCTAGTGTTATGTCAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3821_Genome_Tile_rc|1
GTGGGCTGCACCTCCAGTATAGCACTGGTGGGGTCAATAGTAGCAACAGCAGGAGAGGTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TCTGCTACTGCCTACAGAGACCCTTTTAGGTGTTGATGCAGTGGGCTGCACCTCCAGTAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3881_Genome_Tile_rc|1
ATGTATGATGGCGTAACATGTCTGCTACTGCCTACAGAGACCCTTTTAGGTGTTGATGCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3901_Genome_Tile_rc|1
TAGGATGCCCCATATACAGAGATGTATGATGGCGTAACATGTCTGCTACTGCCTACAGAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3921_Genome_Tile_rc|1
AGATTGTGTAACAGGGTCTGTAGGATGCCCATATACAGAGATGTATGATGGCGTAACATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TTCCCCAATATTGACAACAGATCCTTCTGTTACAGCACCCCTATAAACACCTCAGCTGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CAGACCCCTGTGTTTCCACAAATGTTTCTAATGGTATAGATTCCCCAATATTGACAACAG

>HPV103_Unclassified_109390382_nt4041_Genome_Tile_rc|1
AGGTTGAATATCAAATGTGGCAGACCCCTGTGTTTCCACAAATGTTTCTAATGGTATAGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GTACGTGGTGGCTCTGCAGTAGGTTGAATATCAAATGTGGCAGACCCCTGTGTTTCCACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4081_Genome_Tile_rc|1
GAAATGCCCCGAGGGGTACTAGTACGTGGTGGCTCTGCAGTAGGTTGAATATCAAATGTGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4121_Genome_Tile_rc|1
CGCCTATTATATAATTCACGAGCCCTTTTGGAAATGCTCTTTGAAATGCCCCGAGGGGTACTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4141_Genome_Tile_rc|1
TAGTTCTAACTTGTTGAACCCGCCTATTATATAATTCACGAGCCCTTTTGGAAATGCTCTTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4161_Genome_Tile_rc|1
GTTTAGGAAATCTATGTTCCTAGTTCTAACTTGTTGAACCCGCCTATTATATAATTCACG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4181_Genome_Tile_rc|1
GTAACCGCTGTCGTGGGCGGTTTAGGAAATCTATGTTCCTAGTTCTAACTTGTTGAACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CGGGATTTTCAAATTGAAAAGTAACCGCCTGTCGTGGGCGGTTTAGGAAATCTATGTTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4281_Genome_Tile_rc|1
AGCAAAATCAGGATCTGGTGCAGCAGTAGCTAAGGCATTTAAATCCTGTTCAAATACAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4381_Genome_Tile_rc|1
CACTTCTGTACGAATAGTGCCACGTTGACCCAACCTGCTTAGTCTAATGTGGCCTTCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4521_Genome_Tile_rc|1
TGCAACAATAGATTGTGCTGTTGCTGCATCAATAATACCTGTGTCACCGGAATGCTGACC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4541_Genome_Tile_rc|1
AAACTAGATTTCAGCTGTGTCTGCAACAATAGATTGTGCTGTTGCTGCATCAATAATACCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4601_Genome_Tile_rc|1
GTTGTAGAATCAAGCAGCTCATTGTCTAGCTGTGGGCCTATTAATGTTTGACCTTCTATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4661_Genome_Tile_rc|1
GGAAACTGGATGCCATGGTGAACCCCTGCAAATCGGAGACGAGAGGAGCTAAAATCCTCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4681_Genome_Tile_rc|1
AAGTAACAATATCTAAAGAGGGAACTGGATGCCATGGTGAACCCCTGCAAATCGGAGAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4721_Genome_Tile_rc|1
GATGCAGTGACAACAAATTGTAATGCAGCACCAGGTGGTAAAGTAACAATATCTAAAGAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4761_Genome_Tile_rc|1
ATATTGTGGAATAATAGTTGTAGTATTATGTTTACCAGCGGATGCAGTGACAACAAATTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4781_Genome_Tile_rc|1
ATAAAAGGTGTAGTGGGGATATATTGTGGAATAATAGTTGTAGTATTATGTTTACCAGCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt4801_Genome_Tile_rc|1
AATCTACTACCACAGAAGGAATAAAAGGTGTAGTGGGGATATATTGTGGAATAATAGTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5021_Genome_Tile_rc|1
CAGTAAGCAGGCGGTCTGCTGGAGGCATGGAAGAAAATAGACGTTTCCACAACGTATTCAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5081_Genome_Tile_rc|1
CCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAATTGGAAAATATGGGTGTCCTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5101_Genome_Tile_rc|1
CCTGAATTGATTACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTACCTTCACCCACTTTTGTAAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5121_Genome_Tile_rc|1
GGTAAAAGGATGTGAAAGGCCCTGAATTGATTACCAGATACCTTAGGTACAACAATTGTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5141_Genome_Tile_rc|1
GTGCCAACTTGTTAGGATCAGGTAAAAGGATGTGAAAGGCCCTGAATTGATTACCAGATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5161_Genome_Tile_rc|1
ATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACCTGTTAGGATCAGGTAAAAGGATGTGAAAGGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5181_Genome_Tile_rc|1
AGCCGTTCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAAGTGCCAACCTGTTAGGATCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGGCATTATATATATTGGAATCCACAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5221_Genome_Tile_rc|1

TCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACAAGCCGTTCTGACTCGGCATT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5241_Genome_Tile_rc|1
GAAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCAGACCCCGTAACTTCCAAACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TATTAAATAAAGGTGTCCAGAAGAGCCAACGCTAAGGGGTCCACCACGACCAATATCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5301_Genome_Tile_rc|1
GTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTAAGTTTATTAAATAAAGGTGTCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TTTGTCTGTTTTCTTTCTGTTTTAACATAACTATTAGGATTTTCAGTATCCTTAAGTT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5341_Genome_Tile_rc|1
CTTTGGGTCCATAGAGACACTTTGTCTGTTTCCTTTCTGTTTTAACATAACTATTAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5361_Genome_Tile_rc|1
ACTACAAATAGCTGAGTTTGCTTTGGGTCCATAGAGACACTTTGTCTGTTTTCTTTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5561_Genome_Tile_rc|1
CTACAATGTCCAAGGTACACCTGAATGGTCCTCCTGCAATGTAGCAAAATTCATTGCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5581_Genome_Tile_rc|1
AGGCCATTTACATTTAGAAGCTACAATGTCCAAGGGTACACCTGAATGGTCCTCCTGCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5641_Genome_Tile_rc|1
ACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCATTTGCCATTCTAAGAAAATC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5661_Genome_Tile_rc|1
TGGCGAGCATACAACCTGCTCACGTCTTCCAAAGAAAAACATTTGATTGCCATATGTGTCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5721_Genome_Tile_rc|1
ACACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGACACCATCCCTAGCAAAAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5741_Genome_Tile_rc|1
GTAAAATATAGGTGTGCTTAACACCCTCAAATTCAGCCTCAGGTATACTGTCGCCCATGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5781_Genome_Tile_rc|1
GACGAGGAGGCTGTATTTTGGTCTTTGTCTAGACGCCCCCTGTAAAATATAGGTGTGCTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5821_Genome_Tile_rc|1
ACTAGAAACAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACAGACGAGGAGGCTGTATTTTG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5841_Genome_Tile_rc|1
CTGCCAAACAACTGAGAATCACTAGAAACAGTGATCCACTGGGGGTTGCATAGTAAACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5901_Genome_Tile_rc|1
AAATTATTTCTCCAACACACACTATTATTAGGGCCCTGAGCCTTTTGTATCCAGTATGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt5961_Genome_Tile_rc|1
TCTGACTTAACATTTATTGTAAATTTACATTGTGTGTGTTATCAACCAATGTAATAAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6061_Genome_Tile_rc|1
AACCTTGCAATAATTGCAATATAAGAGCAATCTCAAATTCCTCTACATGTGCGAGATAATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6081_Genome_Tile_rc|1
AATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCATAATTGCAATATAAGAGCAATCTCAAATTCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6101_Genome_Tile_rc|1
CCATTACATGTATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGGAACCTTGCATAATTGCAATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6121_Genome_Tile_rc|1
GTCCTCAATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATGGGCTAATACATCAGCTGTGAGAGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6141_Genome_Tile_rc|1
GGTACAAACCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGATCCATTACATGTATATGGGCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6161_Genome_Tile_rc|1
CAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCTAGCTGCCAGTCCTCAATTATAGCTGGAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6181_Genome_Tile_rc|1
TAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGTGGTACAAACCTAGCTGCCA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6201_Genome_Tile_rc|1
CAGCGTGTGGCTAAAGATGTTAAAAATCTGTATGTATCTCCAATAGAAGAAGGAGGCGGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6241_Genome_Tile_rc|1
ATATGGGTCTGTTTTTCTTTGGGAGGTTCTGCAGCAGGGCAGCGTGTGGCTAAAGATGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6341_Genome_Tile_rc|1
TAACCCCAGTTTGAGATAAAAAATCTGCGACCCAAAGGATATCTGTCAAGATCAGAGGACA

>HPV103_Unclassified_109390382_nt6361_Genome_Tile_rc|1
AGAGGAGGTAGAAGACGAGCTAACCCAGTTTGAGATAAAAAATCTGCGACCCAAAGGATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6401_Genome_Tile_rc|1
GTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCTAGAGGAGGTAGAAGACGAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6421_Genome_Tile_rc|1
TCTACGTTTTTTTAGCAGACCGTACTGGGCGGGTAGGGGTCTCTACACGAGACCGCTTTCT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6481_Genome_Tile_rc|1
CAAGAACAAAAATATAAAGTGCATGTGCAACACAGGTAATGCCATAGATTAAACCCCCCG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6501_Genome_Tile_rc|1
ACACAGTACTGCAGTTGATACAAGAACAAAAATATAAAGTGCATGTGCAACACAGGTAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6521_Genome_Tile_rc|1
GGAATGTACAAGACAAGTTAACACAGTACTGCAGTTGATACAAGAACAAAAATATAAAGT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6541_Genome_Tile_rc|1
TTAAATGTAATATAAGTTAAGGAATGTACAAGACAAGTTAACACAGTACTGCAGTTGATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6561_Genome_Tile_rc|1
GACAAATATATTTAATACCCTTAAATGTAATATAAGTTAAGGAATGTACAAGACAAGTTA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6601_Genome_Tile_rc|1
TACATGACTCAATAACAAATCACGCAGAGACCGGTACCATGACAAATATATTTAATACCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6681_Genome_Tile_rc|1
AAAAAACAGTGTGTATAGCCCCTGCACGTCCAAGCCGACGGAAGCCAAAGACTAAAAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6701_Genome_Tile_rc|1
GCTTTATTAAAGAAGTATCCAAAAAACAGTGTGTATAGCCCCTGCACGTCCAAGCCGGA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6721_Genome_Tile_rc|1
ATCGGTTTCACTGAAAGAAAGCTTTATTAAAGAAGTATCCAAAAAACAGTGTGTATAGC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6741_Genome_Tile_rc|1
CAACGGAGTTGGCGACCGTTATCGGTTTCACTGAAAGAAAGCTTTATTAAAGAAGTATCC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6761_Genome_Tile_rc|1
AGTACATACCTGAAAGTTGGCAACGGAGTTGGCGACCGTTATCGGTTTCACTGAAAGAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6821_Genome_Tile_rc|1
CGGCCAGATAACTAATTCGGTTGCTGGAAGGCTGAGTAATCTTGTTGTTGAACTTGCAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6841_Genome_Tile_rc|1
TCGCTGCCGGTCGTGGCCAACGGCCAGATAACTAATTCGGTTGCTGGAAGGCTGAGTAAT
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6861_Genome_Tile_rc|1
ATCAAGAATATTACAAAACATCGCTGCCGGTCGTGGCCAACGGCCAGATAACTAATTCGG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6941_Genome_Tile_rc|1
CTTCTACTTTATATAGTATACACCTCTCCCGTTAGTAAAGCAAACGGAATAGGTGGTAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6961_Genome_Tile_rc|1
AAGAGAACTGCCCAATACAGCTTCTACTTTATATAGTATACACCTCTCCCGTTAGTAAA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt6981_Genome_Tile_rc|1
ACAGGGGTACAACCACGCAAAAGAGAACTGCCCAATACAGCTTCTACTTTATATAGTATA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7001_Genome_Tile_rc|1
AGCCCACCAACCATCCACCACACAGGGGTACAACCACGCAAAAGAGAACTGCCCAATACAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7041_Genome_Tile_rc|1
CCATACAAATAACAAGAATGGAACAATATTCATTTCCAGAGCCCACCAACCATCCACCAC
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7061_Genome_Tile_rc|1
GCACAGCATAAATACAATTGCCATACAAATAACAAGAATGGAACAATATTCATTTCCAG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7081_Genome_Tile_rc|1
ATATTACAGTTAAACAAACGCACAGCATAAATACAATTGCCATACAAATAACAAGAATG
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7161_Genome_Tile_rc|1
ACATACAACAAGTACTGGCCAAATCCCGCATATATATAGTTACACTCTAATAGCTAAACA
>HPV103_Unclassified_109390382_nt7181_Genome_Tile_rc|1
ACACACCTTTTATACACTATACATACAACAAGTACTGGCCAAATCCCGCATATATATAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt0041_Genome_Tile_rc|1
CAGATACTGCATCACCTCAGGATATTTTATAGCTTATACCGGGTGCGGTTAGCATGTTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt0061_Genome_Tile_rc|1

CCAGGAGTGACTGCCAGGATCAGATACTGCATCACCTCAGGATATTTTATAGCTTATACC
>HPV96_Beta_50253426_nt0081_Genome_Tile_rc|1
GCCACTGGATCGGTGTTGTTCCAGGAGTGACTGCCAGGATCAGATACTGCATCACCTCAG
>HPV96_Beta_50253426_nt0201_Genome_Tile_rc|1
AACCTCTCAAGATAAAACTTTTTGGCAACCGAGAGAGTTGCGAAACTTACCGTTAACGGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt0241_Genome_Tile_rc|1
GCGGTTACTTGTATGAGTGGCAGGTTGTAATTGCCAACAACTCTCAAGATAAAACTT
>HPV96_Beta_50253426_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TCCATCTCAACAATGAACAGAGATCTGTATGTCTGTATATAAAATGTCCTAGAAACGCAG
>HPV96_Beta_50253426_nt0341_Genome_Tile_rc|1
AATGCCCAAATGACTTCTAAGTTGCTGCACTGTCTTTAAATCCATCTCAACAATGAACAG
>HPV96_Beta_50253426_nt0361_Genome_Tile_rc|1
AACACAGGTCTTCAGTAGGAATGCCCAAATGACTTCTAAGTTGCTGCACTGTCTTTAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TCTTACAGAAGTTACAGGCTAACACAGGTCTTCAGTAGGAATGCCCAAATGACTTCTAA
>HPV96_Beta_50253426_nt0401_Genome_Tile_rc|1
CTCCTCAAAGGTTAAAAATTTCTTACAGAAGTTACAGGCTAACACAGGTCTTCAGTAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TTGCTATCAAATCCTAATAGCTCCTCAAAGGTTAAAAATTTCTTACAGAAGTTACAGGCT
>HPV96_Beta_50253426_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TCCAAATAAGATTTAAAGTCTTGCTATCAAATCCTAATAGCTCCTCAAAGGTTAAAAATT
>HPV96_Beta_50253426_nt0461_Genome_Tile_rc|1
CGCATATGCATAACCTTCCTTCCAAATAAGATTTAAAGTCTTGCTATCAAATCCTAATAG
>HPV96_Beta_50253426_nt0481_Genome_Tile_rc|1
CTAGCACAAATTGAAACAACACGCATATGCATAACCTTCCTTCCAAATAAGATTTAAAGTC
>HPV96_Beta_50253426_nt0501_Genome_Tile_rc|1
ATTCTACTTTGGCTACTGTTCTAGCACAAATTGAAACAACACGCATATGCATAACCTTCCT
>HPV96_Beta_50253426_nt0561_Genome_Tile_rc|1
AACTGCCACTGCGAGATTCTATTTCTCGTCCCTTGACTGTTTTTTCATAAAAAATGTTCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt0601_Genome_Tile_rc|1
CGCAAACAAAAGTGGCATCTAACACAATAACAACAAAGTAAACTGCCACTGCGAGATTCT
>HPV96_Beta_50253426_nt0661_Genome_Tile_rc|1
ACTAAATAAAAAGTTTTCTTGATACCCACAAATATTTAACTTTTCTAAATAATCTAACAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt0841_Genome_Tile_rc|1
CACCTCTGCTACTGTAGATTCTGACAGGTTTCTGACTGCTCTTCTGTCAACTCTTCGTC
>HPV96_Beta_50253426_nt0861_Genome_Tile_rc|1
TACAGAGTTCTCTGAGGCTCCACCTCTGCTACTGTAGATTCTGACAGGTTTTCTGACTGC
>HPV96_Beta_50253426_nt0921_Genome_Tile_rc|1
GTAGCAGAAACGTAGATTTTTCAGCCGGGAATCACAGCCTCCACACGGTACTACAATCTTG
>HPV96_Beta_50253426_nt1181_Genome_Tile_rc|1
ATCTCGGGAAATTCCTGCTCATTCGCATTATCAACAGCATCCCCATCATCAATTAAATC
>HPV96_Beta_50253426_nt1341_Genome_Tile_rc|1
CCTGTTCCATAAATAGCCGCTTTTTACATTTGTGTTGCGGCGACAAAGGTATTGCTTCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TGATAACTCAAGCCCGCTGTCCTGTTCCATAAATAGCCGCTTTTTACATTTGTGTTGCGG
>HPV96_Beta_50253426_nt1441_Genome_Tile_rc|1
TGAACCTCTGTCCGTGCTGTGCCGTACAGTATTTGGGGGTACCTCCACCTCCGGAGCAGTA
>HPV96_Beta_50253426_nt1481_Genome_Tile_rc|1
ACTGCATTTTAACAATAGTCTATAATGCTCATTGCTCGCCTGAACCTTCTGTCCGTGCTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt1501_Genome_Tile_rc|1
AGCATTGTAGCTCTGAGATTACTGCATTTTAACAATAGTCTATAATGCTCATTGCTCGCC
>HPV96_Beta_50253426_nt1541_Genome_Tile_rc|1
TTCCATAAACCACCCCAAAGCTGTTTTTAAATTTGCTGAGCATTGTAGCTCTGAGATT
>HPV96_Beta_50253426_nt1561_Genome_Tile_rc|1
CTATTAAATTTCTACACAGTTCCATAAACCACCCCAAAGCTGTTTTTAAATTTGCTG

>HPV96_Beta_50253426_nt1581_Genome_Tile_rc|1
CCCCACAACAAGTCTTATTGCTATTAAATTTCCCTACACAGTTCCATAAACCCCAACCCCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt1601_Genome_Tile_rc|1
ATATGCAGTTACGACCCAGTCCCGACAACAAGTCTTATTGCTATTAAATTTCCCTACACAG
>HPV96_Beta_50253426_nt1681_Genome_Tile_rc|1
CATAGTGTATGAAGCCATATATAACCACAATGTTCTTGTAACAGTTGCTTACATCCTTCT
>HPV96_Beta_50253426_nt1701_Genome_Tile_rc|1
ATAGAAAAGAGTGACATTGGACATAGTGTATGAAGCCATATATAACCACAATGTTCTTGTA
>HPV96_Beta_50253426_nt1721_Genome_Tile_rc|1
TTTACCAGTTTTTAAACACAATAGAAAAGAGTGACATTGGACATAGTGTATGAAGCCATAT
>HPV96_Beta_50253426_nt1741_Genome_Tile_rc|1
CTTACAACCTGTATCTCTGCTTTTACCAGTTTTTAAACACAATAGAAAAGAGTGACATTGGA
>HPV96_Beta_50253426_nt1761_Genome_Tile_rc|1
TTAACATCCTTTGTAACAATCTTACAACCTGTATCTCTGCTTTTACCAGTTTTTAAACACA
>HPV96_Beta_50253426_nt1781_Genome_Tile_rc|1
GAGTTGCTCTTTATGAATACTTAACATCCTTTGTAACAATCTTACAACCTGTATCTCTGCT
>HPV96_Beta_50253426_nt1801_Genome_Tile_rc|1
AACTTTGGTGGTTCAGTTAAGAGTTGCTCTTTATGAATACTTAACATCCTTTGTAACAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt1821_Genome_Tile_rc|1
GTACAGCCATAACACTTCGTAACCTTTGGTGGTTCAGTTAAGAGTTGCTCTTTATGAATAC
>HPV96_Beta_50253426_nt1941_Genome_Tile_rc|1
ACAATTCAAATTGCAAATTATCGCCCTCATGGTGACTAATCATCGTTTGCTGAACAATCC
>HPV96_Beta_50253426_nt2021_Genome_Tile_rc|1
GTCAGCTAATTTAGCATAGTTATATGCAATGTCAGAATCTTCGATATAGTCATTGTCATA
>HPV96_Beta_50253426_nt2041_Genome_Tile_rc|1
GCGCGAGCATTTATGTCTTCGTCAGCTAATTTAGCATAGTTATATGCAATGTCAGAATCT
>HPV96_Beta_50253426_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TTTAGAAATAGACATATATCTCATTTTCACCTCGTTTGTAATGTCTTACCATCCAAGCACA
>HPV96_Beta_50253426_nt2161_Genome_Tile_rc|1
TTTAATTTATACCATATCCATTTAGAAATAGACATATATCTCATTTTCACCTCGTTTGTA
>HPV96_Beta_50253426_nt2201_Genome_Tile_rc|1
TTTTACTATGTTTGACCAGTGGCCGCCATTTTCTACTTTTTTTAATTTATACCATATCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt2221_Genome_Tile_rc|1
ATACCTTGGAATCTAACAATTTTACTATGTTTGACCAGTGGCCGCCATTTTCTACTTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt2261_Genome_Tile_rc|1
AAGGAAGTGTTTGAAGGCATCTAAAAACATTATAAAATTTATACCTTGGAATCTAACAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2321_Genome_Tile_rc|1
CGTTTTTGCCACAATCAGAAGGACCATAAAAAATAAATACAGTTTTTTTTTGTCTAGACAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2361_Genome_Tile_rc|1
CCCTACCACCGAGAGCTTTAATTAGTGACATGCAAAACATCGTTTTTGCCACAATCAGAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt2461_Genome_Tile_rc|1
TAATTCCAACAAGCTTCTGTAGCATCATCTAACATAGCAATCTTGCTTCCGTTAAAGGT
>HPV96_Beta_50253426_nt2581_Genome_Tile_rc|1
AAAATATCATAATTGGAGGTAATCAATAATGGAGGAAATCTAATCTGTATGGGAGCTTTA
>HPV96_Beta_50253426_nt2601_Genome_Tile_rc|1
ATCTATACCTCTCATTTTTTAAATATCATAATTGGAGGTAATCAATAATGGAGGAAATC
>HPV96_Beta_50253426_nt2621_Genome_Tile_rc|1
TTTAATTCTGCTAACCAGAAATCTATACCTCTCATTTTTTAAATATCATAATTGGAGGT
>HPV96_Beta_50253426_nt2641_Genome_Tile_rc|1
TTATTCTTAAATTCAAATATTTAATTCTGCTAACCAGAAATCTATACCTCTCATTTTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt2841_Genome_Tile_rc|1
TTCTAATTTATCACTCCCTTGTTTCATATATGTCCATGAGCTGGTCTTCTAGAGCATTGAA
>HPV96_Beta_50253426_nt2981_Genome_Tile_rc|1
TAAATAACATCTTTAGCTTTTGTCTGAAAGCTGCTAAACTAGGAACAGGAGTGACCCC
>HPV96_Beta_50253426_nt3041_Genome_Tile_rc|1

AATGTCCAAGGTTTCATCTTTGTAAAGGTGAGTCTCTTAATTTCTCTAGTTGAAGAACCATG
>HPV96_Beta_50253426_nt3081_Genome_Tile_rc|1
AACAGGAGGAGCTCTATATGTTTCTAAACTGGTGTTAATCAATGTCCAAGGTTTCATCTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt3101_Genome_Tile_rc|1
GGACCTTTTTTTAAAGCAGTTAACAGGAGGAGCTCTATATGTTTCTAAACTGGTGTTAATC
>HPV96_Beta_50253426_nt3181_Genome_Tile_rc|1
CTTCAAAGTAAATGAACTGCCAGGATGTGTATAACATAATATTTTCAGGATCTGCATCAA
>HPV96_Beta_50253426_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TTGCCAATGTCCATCAGTGTCTTCAAAGTAAATGAACTGCCAGGATGTGTATAACATAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt3221_Genome_Tile_rc|1
TCAATACGCCCTTCAGTTTTTTTGCCAATGTCCATCAGTGTCTTCAAAGTAAATGAACTGC
>HPV96_Beta_50253426_nt3241_Genome_Tile_rc|1
AATAATATAAACCAGCATAATCAATACGCCCTTCAGTTTTTTTGCCAATGTCCATCAGTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt3261_Genome_Tile_rc|1
ATGTCTTAATTGCCCTTCCAAATAATATAAACCAGCATAATCAATACGCCCTTCAGTTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt3281_Genome_Tile_rc|1
ACTTTAAATTCCACGTAATAATGTCTTAATTGCCCTTCCAAATAATATAAACCAGCATAA
>HPV96_Beta_50253426_nt3301_Genome_Tile_rc|1
TTCCAAATCTGCGAGCATCTACTTTAAATTCCACGTAATAATGTCTTAATTGCCCTTCCA
>HPV96_Beta_50253426_nt3421_Genome_Tile_rc|1
CCTCGGGGACGTCGGGGGGCTCAGCCCGTTCTCTGACCTCTTCGTATGAGGACGGCGAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt3441_Genome_Tile_rc|1
GGAGTCAGGGGCGGTTCCGACCTCGGGGACGTCGGGGGGCTCAGCCCGTTCTCTGACCTC
>HPV96_Beta_50253426_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CTCCCAGTCTGTAGGGTGCCGGAGTCAGGGGCGGTTCCGACCTCGGGGACGTCGGGGGGC
>HPV96_Beta_50253426_nt3581_Genome_Tile_rc|1
CGTTCTTCGGCTTTCCTGTAGTAGATCGTGATACTTTTTGCCTGACCTGAGGGAGGCA
>HPV96_Beta_50253426_nt3601_Genome_Tile_rc|1
ACGATGGACTCCGGGACCGTCGTTCTTCGGCTTTCCTGTAGTAGATCGTGATACTTTTT
>HPV96_Beta_50253426_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CGTTGTCCCCGTCCCCGTGCACCGGCTTGCTCTGTCCCTGACGATGGACTCCGGGACCGT
>HPV96_Beta_50253426_nt3661_Genome_Tile_rc|1
TGGAACGGGCCCCTGGTTCCCCGTGTCCCCGTCCCCGTGCACCGGCTTGCTCTGTCCCTG
>HPV96_Beta_50253426_nt3841_Genome_Tile_rc|1
CCACTTGTGAAGCTGGAATGCCACACTGGTCAATAGATCTGCACTCTGCAGATCTACTTC
>HPV96_Beta_50253426_nt4001_Genome_Tile_rc|1
TTATCAAAAAGAGCCTCTAAGTTTGTCTTTCACCCTGTAGCGATAACATTTTAAAGTATTT
>HPV96_Beta_50253426_nt4021_Genome_Tile_rc|1
ATGACCATGTTGTACTAATTTTATCAAAAAGAGCCTCTAAGTTTGTCTTTCACCCTGTAGC
>HPV96_Beta_50253426_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATTACCTTGTGAAGCCACCCATGACCATGTTGTACTAATTTTATCAAAAAGAGCCTCTAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TTTTTCCCTCTGATCTTCTGAAACAAAGCTAAGCAGCATGCGAGCTCTACCTATGCGTGT
>HPV96_Beta_50253426_nt4181_Genome_Tile_rc|1
TGAAATGTTAGTAGTTAAAGACTATCAAAGCTACCAAAGGACCAATCAACACCCTTAGGT
>HPV96_Beta_50253426_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TAGTTATTAGTATAAAAAAATGAAATGTTAGTAGTTAAAGACTATCAAAGCTACCAAAGG
>HPV96_Beta_50253426_nt4221_Genome_Tile_rc|1
ATACAATATATAAAGTGGGTTAGTTATTAGTATAAAAAAATGAAATGTTAGTAGTTAAAG
>HPV96_Beta_50253426_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TTACTCTACGTGCGCGGCCATACAATATATAAAGTGGGTTAGTTATTAGTATAAAAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt4481_Genome_Tile_rc|1
CAGTTGGTGTACCACCCACGCGAACACCAGGTGCAGGTCCTTCAGGCAAAGGGACATAAC
>HPV96_Beta_50253426_nt4621_Genome_Tile_rc|1
AATTTCTCCTGGCAACAAATCAGGTCCTGTGTCTGTAAGAGGGACAACCTGAAGGTGCAAC

>HPV96_Beta_50253426_nt4641_Genome_Tile_rc|1
TGTACCTCAGCAATGGTCTCAATTTCTCCTGGCAACAAATCAGGTCTGTGTCTGTAAGA
>HPV96_Beta_50253426_nt4701_Genome_Tile_rc|1
CTCGAGCCTCTACCACCTGTCAACCTGGTGTGTCAACAGGTGTTACATCTGACACAGGA
>HPV96_Beta_50253426_nt4881_Genome_Tile_rc|1
CCACTACCACCAATATTTTGTCTCCAGAACCTGATTGTACAATGATTTGGTCAGATAAC
>HPV96_Beta_50253426_nt4921_Genome_Tile_rc|1
TCTTGTGGGGAACCTCTTCTAATTCTATTTCCACAGAAGGCCCACTACCACCAATATTTTG
>HPV96_Beta_50253426_nt5001_Genome_Tile_rc|1
GCTCGTGAGGCCTGCTGAGCCATTCTTACAGGTGTACTAGTTTTTCTAGGAGGGGTGGC
>HPV96_Beta_50253426_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TGTATAAAGCTCTACGTAAAGCTCGTGAGGCCCTGCTGAGCCATTCTTACAGGTGTACTAG
>HPV96_Beta_50253426_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CTGTTGTGTTAATCTACGATTGTATAAAGCTCTACGTAAAGCTCGTGAGGCCTGCTGAGC
>HPV96_Beta_50253426_nt5061_Genome_Tile_rc|1
AGAGGATTTTCTACAGAAACCTGTTGTGTTAATCTACGATTGTATAAAGCTCTACGTAAA
>HPV96_Beta_50253426_nt5081_Genome_Tile_rc|1
TAGAAGGCTGTTGTAAAAATAGAGGATTTTCTACAGAAACCTGTTGTGTTAATCTACGAT
>HPV96_Beta_50253426_nt5101_Genome_Tile_rc|1
AAATTGAAAAGTAACTAATTTAGAGGCTGTTGTAAAAATAGAGGATTTTCTACAGAAAC
>HPV96_Beta_50253426_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TGTAAGAGTGAACCTTGAGTGCCAACCTGTGCTCCAGAGCGTGTCTGATGGTTGCTCGTT
>HPV96_Beta_50253426_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GTCAATAGTGCTTATATCTCTGTAAAAAGTGAACCTTGAGTGCCAACCTGTGCTCCAGAGCG
>HPV96_Beta_50253426_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AATTCAATGGAGGGTCTGTGTCAATAGTGCTTATATCTCTGTAAAAAGTGAACCTTGAGTG
>HPV96_Beta_50253426_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GAATGTAATCTGGCACTTCCTCCAAAGTAGGAATTTCTTGTACATCCATATTAACAAAT
>HPV96_Beta_50253426_nt5501_Genome_Tile_rc|1
CCTCTAATAGCACATCTTCAGAATGTAATCTGGCACTTCCTCCAAAGTAGGAATTTCTT
>HPV96_Beta_50253426_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ACTAAAGTCTTCTAATGCCTCCTCTAATAGCACATCTTCAGAATGTAATCTGGCACTTC
>HPV96_Beta_50253426_nt5541_Genome_Tile_rc|1
CCAAAACTAATTGTGCTCCACTAAAGTCTTCTAATGCCTCCTCTAATAGCACATCTTCA
>HPV96_Beta_50253426_nt5601_Genome_Tile_rc|1
TTAATCTCTCTTGGAGTCTCAAATCTAGGAATAGTTATTACATTTGATCTTCTAGAATTT
>HPV96_Beta_50253426_nt5621_Genome_Tile_rc|1
CTAAATCTGGTGTATAAATATTAATCTCTCTTGGAGTCTCAAATCTAGGAATAGTTATTA
>HPV96_Beta_50253426_nt5641_Genome_Tile_rc|1
ATATGATATGTAATATCCATCTAAATCTGGTGTATAAATATTAATCTCTCTTGGAGTCTC
>HPV96_Beta_50253426_nt5661_Genome_Tile_rc|1
GGAATATTCCTTGTCTGGATATGATATGTAATATCCATCTAAATCTGGTGTATAAATA
>HPV96_Beta_50253426_nt5681_Genome_Tile_rc|1
GCTCAGTGATATAACTTCTGGAATATTCCTTGTCTGGATATGATATGTAATATCCAT
>HPV96_Beta_50253426_nt5701_Genome_Tile_rc|1
TATTGTTGGAGTCGTGTCTGGCTCAGTGATATAACTTCTGGAATATTCCTTGTCTGG
>HPV96_Beta_50253426_nt5721_Genome_Tile_rc|1
AAATCCTCTGTATGAATTATTATTGTTGGAGTCGTGTCTGGCTCAGTGATATAACTTCT
>HPV96_Beta_50253426_nt7341_Genome_Tile_rc|1
TAGCGGTCAGCGTCGTTTTTCGTTTTGTACCTCTTGAGGTTGTAGCCCTCCCGTTACAGT
>HPV96_Beta_50253426_nt7361_Genome_Tile_rc|1
ATTGAAGGTCCCCGAACCGATAGCGGTCAGCGTCGTTTTTCGTTTTGTACCTCTTGAGGTT
>HPV93_Beta_37089393_nt0041_Genome_Tile_rc|1
CAATACTTATAACAGGTGCTACGAAATCGGTGCAAGAAAATACTTGTTGAGTAATAAAG
>HPV93_Beta_37089393_nt0061_Genome_Tile_rc|1

CTGCCTTATATACCATATATCAATACTTATAAACAGGTGCTACGAAATCGGTGCAAGAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt0101_Genome_Tile_rc|1
GTAATGGTCTGAGGTTTACTTACTGCCGCCATTAAGATGTCTGCCTTATATACCATATAT
>HPV93_Beta_37089393_nt0121_Genome_Tile_rc|1
CAAGACACCTAGCAAGCTCTGTAATGGTCTGAGGTTTACTTACTGCCGCCATTAAGATGT
>HPV93_Beta_37089393_nt0161_Genome_Tile_rc|1
CAAAAATTACAAGGCACCAAAGCATCTTCTAACGGTATACCAAGACACCTAGCAAGCTCT
>HPV93_Beta_37089393_nt0181_Genome_Tile_rc|1
AATATGTTAAAAACTTTTTACAAAAATTACAAGGCACCAAAGCATCTTCTAACGGTATAC
>HPV93_Beta_37089393_nt0221_Genome_Tile_rc|1
ATTAGACAAAGTTGTTTTACATCAAATTC AACGACTTCCAAATATGTTAAAAACTTTTTA
>HPV93_Beta_37089393_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TCAAGTAATTATCAAATTCATACGTGGCTGATGCTATACAACAACATCTGCAACAGCCAA
>HPV93_Beta_37089393_nt0361_Genome_Tile_rc|1
TAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTCCTTAACCTTCTATTGCCAGCCAACAACACTATCAT
>HPV93_Beta_37089393_nt0381_Genome_Tile_rc|1
ACAATGGCGACACCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCTTTTTTTCCTTAACCTTCTATTGC
>HPV93_Beta_37089393_nt0401_Genome_Tile_rc|1
ATTTGATCTAATTTTTTCATACAATGGCGACACCTCACTATAATTTTCAGAGAGTGGCTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt0681_Genome_Tile_rc|1
CAGCAACAAATATTTCGAAGTCGGGATCCACAGCCTCCGCCGAGAACACAATAATCTTGA
>HPV93_Beta_37089393_nt0721_Genome_Tile_rc|1
ACTAGCAATTGCTGAAAGCAACGAACCTCCAAATTCTGTGGCAGCAACAAATATTTCGAAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt1021_Genome_Tile_rc|1
CCCTGGGACTAATATACTTTTCGCTTTAATGATTGCAATAAAGTCTCGCTGTCTTCTAACT
>HPV93_Beta_37089393_nt1181_Genome_Tile_rc|1
GGTACCTCCTCCTTTTGTTCACCTGTGTAACAATATCTTCAACTTCATTTGTTAAGTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt1201_Genome_Tile_rc|1
TCAAGTTTGTGGATGCTGTTCGGTACCTCCTCCTTTTGTTCACCTGTGTAACAATATCTT
>HPV93_Beta_37089393_nt1221_Genome_Tile_rc|1
ATGTACATTTTCCCCCTCCCTCAAGTTTGTGGATGCTGTTCGGTACCTCCTCCTTTTGTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt1241_Genome_Tile_rc|1
CATCTCATAAGTTCCTTGTAATGTACATTTTCCCCCTCCCTCAAGTTTGTGGATGCTGTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt1281_Genome_Tile_rc|1
ACTTTTGAATTTTGAAGTAATGTAGCTTTCAAATTACTACATCTCATAAGTTCCTTGTA
>HPV93_Beta_37089393_nt1321_Genome_Tile_rc|1
TATACTGCCGCGTCAACTCTGCAAACTAACACCAAAGCACTTTTGAATTTTGAAGTA
>HPV93_Beta_37089393_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TTTTTTTGAACCTTCAAACAAATCATTATTCACACCATAAATTGCAATCACCCAATCGTT
>HPV93_Beta_37089393_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TCACAGTGCTGTTGCAGCAATTTTTTGAACCTTCAAACAAATCATTATTCACACCATAA
>HPV93_Beta_37089393_nt1441_Genome_Tile_rc|1
TTTCAGTGAGCCAAATATAATCACAGTGCTGTTGCAGCAATTTTTTGAACCTTCAAACA
>HPV93_Beta_37089393_nt1501_Genome_Tile_rc|1
TCACAGTATGCCTATTCTTCCCAGCTTTAAACATAATAAATATAAATACATTGCAGACA
>HPV93_Beta_37089393_nt1521_Genome_Tile_rc|1
CATAGAGATTAATAATCTTATCACAGTATGCCTATTCTTCCCAGCTTTAAACATAATAA
>HPV93_Beta_37089393_nt1541_Genome_Tile_rc|1
TGTTCCCTCTGCAACATGTAGCATAGAGATTAATAATCTTATCACAGTATGCCTATTCTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt1561_Genome_Tile_rc|1
TTGGTGGTTTCAGACAGTATTTGTTCCCTCTGCAACATGTAGCATAGAGATTAATAATCTTA
>HPV93_Beta_37089393_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TGCTACAGTGCTTCTAAGCTTTGGTGGTTTCAGACAGTATTTGTTCCCTCTGCAACATGTAG
>HPV93_Beta_37089393_nt1661_Genome_Tile_rc|1
GTTTGTCTACTATCCATTTAGGATATGAACCATGGGTAAATGTTCCCGAGTTGGAAGT

>HPV93_Beta_37089393_nt2021_Genome_Tile_rc|1
AAGTCCTTCAAAGCAGAGAGAAAACCTTATAAAATTAATACCTTGGTATCTAATAAATTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt2641_Genome_Tile_rc|1
TTCTTTACGAAGAAGCCGCCAATGTTCTATTTGTGCTTCTAGGGTATCACTAGCAACTTC
>HPV93_Beta_37089393_nt2721_Genome_Tile_rc|1
TCAGATGTTGCAAGTGGTGGTACTGGCTGATACCCAAGTCTTAAAACACCATTTTGCCTA
>HPV93_Beta_37089393_nt2781_Genome_Tile_rc|1
GCTGACTTTTGTAAATGACTGCAGCTGTAACATCATGCCAATTGCCTCTTTGGCTTTTGCT
>HPV93_Beta_37089393_nt2801_Genome_Tile_rc|1
TCCACTTTTTCAGATGCATAGGCTGACTTTTGTAAATGACTGCAGCTGTAACATCATGCCAA
>HPV93_Beta_37089393_nt3041_Genome_Tile_rc|1
CAAACAAAGTATAGTAATGCTTGAAATCCTTTATAGTATAATAAATGCCTGTATGATTTG
>HPV93_Beta_37089393_nt3061_Genome_Tile_rc|1
ATATTTTTTTGCATCGTCAGCAAACAAAGTATAGTAATGCTTGAAATCCTTTATAGTATA
>HPV93_Beta_37089393_nt3181_Genome_Tile_rc|1
GTGAGCGGTGGACTCTGGGGAAGCTCTTCTCGTCCTGGGGATTCTGGCGGCGTGGAGCT
>HPV93_Beta_37089393_nt3201_Genome_Tile_rc|1
GAACGGGCGGTGGTCTTGGTGTGAGCGGTGGACTCTGGGGAAGCTCTTCTCGTCCTGGG
>HPV93_Beta_37089393_nt3401_Genome_Tile_rc|1
AAGAGGATCGCGACCGAGATCGAGATTGAGAGGATGTTGTTCTGGACCGCGACCTTCGCC
>HPV93_Beta_37089393_nt3421_Genome_Tile_rc|1
CCCCCTTGATCCTCTAGAGGAAGAGGATCGCGACCGAGATCGAGATTGAGAGGATGTTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt3801_Genome_Tile_rc|1
GTTGTGCTAAATGCCTTGATAAGCCTTTTATACTTTTGTGTTTGCCCGATTCCCTAAAGCAT
>HPV93_Beta_37089393_nt3901_Genome_Tile_rc|1
TACCTTTAAAAAAGAGCTGCGCTGTGTATGGCTGGTAAACTTACGAGCACTCTGGACCT
>HPV93_Beta_37089393_nt3921_Genome_Tile_rc|1
ACTCCTTTTGAAACTTAACTACCTTTAAAAAAGAGCTGCGCTGTGTATGGCTGGTAAAA
>HPV93_Beta_37089393_nt3941_Genome_Tile_rc|1
AGTTGCCTAAAGACCAATCTACTCCTTTTGAAACTTAACTACCTTTAAAAAAGAGCTGC
>HPV93_Beta_37089393_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TTAGTATTATAGTTTATCTAAGTTGCCTAAAGACCAATCTACTCCTTTTGAAACTTAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CCATTGCAAGAATATACAAAAACAAAGAAAGCTTGGTTATATGTTAGTAGCAAAAGCAAG
>HPV93_Beta_37089393_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGTTAATGGAACAATTGAAGATGAGGATGGTTCTACAGGAGCTATGGTATCTACGG
>HPV93_Beta_37089393_nt4401_Genome_Tile_rc|1
TAATAAATCTACACCAGAAGTTTCTGTTAATGGAACAATTGAAGATGAGGATGGTTCTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt4421_Genome_Tile_rc|1
ATAGATTCAATTTCTCCTGGTAATAAATCTACACCAGAAGTTTCTGTTAATGGAACAATT
>HPV93_Beta_37089393_nt4441_Genome_Tile_rc|1
GTACAGGATGTACTTCTGCAATAGATTCAATTTCTCCTGGTAATAAATCTACACCAGAAG
>HPV93_Beta_37089393_nt4501_Genome_Tile_rc|1
AAATTGCACTGGAACCTTTACTGGTGGTAACAACCTGGTGTATCAAACTGGCAACATCAG
>HPV93_Beta_37089393_nt4521_Genome_Tile_rc|1
TGGATCGGGAGCAACTTCTAAAATTGCACTGGAACCTTTACTGGTGGTAACAACCTGGTGT
>HPV93_Beta_37089393_nt4701_Genome_Tile_rc|1
AGGGAATTCTTGCAACTCGATTTCTTCAGCTCTACCTACTGACTGTCCACCAGAACCAGA
>HPV93_Beta_37089393_nt4721_Genome_Tile_rc|1
ATTTCAAATGAATATCTACTAGGGAATTCTTGCAACTCGATTCTTCAGCTCTACCTACT
>HPV93_Beta_37089393_nt4781_Genome_Tile_rc|1
ACAGCTTGCTCTAAGTCTTTGTAAAGGAGTGCTACTTCTCCTTGGTGGAGTAGGTGTTTCT
>HPV93_Beta_37089393_nt4801_Genome_Tile_rc|1
TTGTTAAAGATCTGCCCTTACAGCTTGCTCTAAGTCTTTGTAAAGGAGTGCTACTTCTCC
>HPV93_Beta_37089393_nt4821_Genome_Tile_rc|1

TTGTTGTATTAACCGTCTATTTGTTAAAGATCTGCCCCCTTACAGCTTGTCTAAGTCTTTG
>HPV93_Beta_37089393_nt4981_Genome_Tile_rc|1
GAGTTTGAATATCAAGAAAATCTCTGTTGGTGGTTCTATAAAATCATCTAAATCTTGCT
>HPV93_Beta_37089393_nt5101_Genome_Tile_rc|1
TATAAAAGTGTACCTGTGACCCAATTTGGGCCCCGAGCGTGTACGAATAGTGGCTCGTT
>HPV93_Beta_37089393_nt5301_Genome_Tile_rc|1
ATCTTCTACTGCTTCATCTAATAATGCATCCTCTGTATGTGCCTCAGGGTATGATTCCAA
>HPV93_Beta_37089393_nt5321_Genome_Tile_rc|1
ACCAATTGAGAACCCTGAAATCTTCTACTGCTTCATCTAATAATGCATCCTCTGTATGT
>HPV93_Beta_37089393_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AGGTACTGTGTAAGTAGAGGTAGATCTTCTATTGCCAATTACCAATTGAGAACCCTGAA
>HPV93_Beta_37089393_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TTTCTTGGGGTTTCAAAGCGAGGTACTGTGTAAGTAGAGGTAGATCTTCTATTGCCAATT
>HPV93_Beta_37089393_nt5401_Genome_Tile_rc|1
CTTGTGTGTAATATGTAGCATTTCTTGGGGTTTCAAAGCGAGGTACTGTGTAAGTAGAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TACATAATAACCTTTTAAGTCTTGTGTGTAATATGTAGCATTTCTTGGGGTTTCAAAGCG
>HPV93_Beta_37089393_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TCTCTAGATTCTGGATATGATACATAATAACCTTTTAAGTCTTGTGTGTAATATGTAGCA
>HPV93_Beta_37089393_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GATAAATAAATTTGCAAATCATCTCTAGATTCTGGATATGATACATAATAACCTTTTAAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TGCTGGGAGATCTGGAGAGGGATAAATAATTTGCAAATCATCTCTAGATTCTGGATATGA
>HPV93_Beta_37089393_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TCATATGTATGAATTACAACCTGCTGGGAGATCTGGAGAGGGATAAATAATTTGCAAATCA
>HPV93_Beta_37089393_nt5521_Genome_Tile_rc|1
AATAAAAAATCCCCACTATTATCATATGTATGAATTACAACCTGCTGGGAGATCTGGAGAGG
>HPV93_Beta_37089393_nt5541_Genome_Tile_rc|1
CCGTAGTAAACTTGGGTGTAAATAAAAAATCCCCACTATTATCATATGTATGAATTACAAC
>HPV93_Beta_37089393_nt6161_Genome_Tile_rc|1
TTTACTAATTGTATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCATTGGCTCCATCACATTTAGGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6181_Genome_Tile_rc|1
CCCCATCTTGAATAACAGTGTCTTACTAATTGTATAGGTGGGCAAATCCCATTTTGGTCAT
>HPV93_Beta_37089393_nt6421_Genome_Tile_rc|1
CTGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTACGTTGCCACCTCTTACAAAAAAGT
>HPV93_Beta_37089393_nt6441_Genome_Tile_rc|1
AAAATCATTTTTATATGTGCCTGCGTCTATTTGTTTACCAGGAATGTCATCTCCTACGTT
>HPV93_Beta_37089393_nt6681_Genome_Tile_rc|1
TATTTTCCCAGGGTCTGTATAAACACTAATACTGAAGTTTGTGTTTCTTGTGTTGTCTAC
>HPV93_Beta_37089393_nt6901_Genome_Tile_rc|1
TATTAATATATCGATAAGTACTCTGTAACGGATTGTCTGGAGTTGGGACAAACCCTAATT
>HPV93_Beta_37089393_nt6941_Genome_Tile_rc|1
TCCTTTGGTGGAACCTTATCGGGACATGGTGTAGCTAAACTATTAATATATCGATAAGTA
>HPV93_Beta_37089393_nt7101_Genome_Tile_rc|1
AGTTCCTCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGATTGTACAAGATTGCCTGATA
>HPV93_Beta_37089393_nt7121_Genome_Tile_rc|1
TATTTGCTTCTTTTTCTTTTAGTTCCCTCGAGAAATAGATGATGACCGTTTAGCTGGTGAT
>HPV93_Beta_37089393_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CTGTTTGATATACTCTTTATTGTACCAAAAGTGGTAAAATTATTGCTTCTTTTTCTTTT
>HPV93_Beta_37089393_nt7181_Genome_Tile_rc|1
ATACAAGCATTTCTTGAATACTGTTTGATATACTCTTTATTGTACCAAAAGTGGTAAAAT
>HPV93_Beta_37089393_nt7201_Genome_Tile_rc|1
CAAATTAGTCAGACATATGAATACAAGCATTTCTTGAATACTGTTTGATATACTCTTTAT
>HPV93_Beta_37089393_nt7341_Genome_Tile_rc|1
TGCCAGCAGAAAAGGCGCCAAATGTGGTAGGATGCGCCAAATCCGAGCGTGTGGAACCT

>HPV92_Beta_27531786_nt0021_Genome_Tile_rc|1
GTATTTATATACTAGCTGTTTGTATTATAACGCAGGCGGTTACGTGTTTTCTATGGCGT
>HPV92_Beta_27531786_nt0061_Genome_Tile_rc|1
AGGAGGTTTTGCCATTGTGATGGGAACACTTTCACTGCCTGTATTTATATACTAGCTGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt0081_Genome_Tile_rc|1
CTTCTAAGTTCCTGCACCGAAGGAGGTTTTGCCATTGTGATGGGAACACTTTCACTGCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt0101_Genome_Tile_rc|1
CCAATGGAATATCTAACTGTCTTCTAAGTTCCTGCACCGAAGGAGGTTTTGCCATTGTGA
>HPV92_Beta_27531786_nt0141_Genome_Tile_rc|1
AAAAAAGCCTCACAAAAATTACAATGCAATAAAATGTCCTCCAATGGAATATCTAACTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GCAGTAGCTCCTCAAATGTTAAAAAGCCTCACAAAAATTACAATGCAATAAAATGTCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt0181_Genome_Tile_rc|1
TAAATTTTTTGCATCAAATTGCAGTAGCTCCTCAAATGTTAAAAAGCCTCACAAAAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TTCTCCTTCCAAATTAAATTTAAATTTTTTGCATCAAATTGCAGTAGCTCCTCAAATGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt0221_Genome_Tile_rc|1
CACAGCAAGCATAAGCATAATTCTCCTTCCAAATTAAATTTAAATTTTTTGCATCAAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TACTTGTTTAGCACAAAGCACAGCAAGCATAAGCATAATTCTCCTTCCAAATTAAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TGTTTTGTTTCTATTGCTGCTACTTGTTTAGCACAAAGCACAGCAAGCATAAGCATAA
>HPV92_Beta_27531786_nt0321_Genome_Tile_rc|1
AAAAGACTACCTGAGTCCCTTTCTATAGCATCCTTTCCTTGACACTATACTCATAAAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt0341_Genome_Tile_rc|1
ATCTAACAGTTAAACAACACAAAAGACTACCTGAGTCCCTTTCTATAGCATCCTTTCCTT
>HPV92_Beta_27531786_nt0361_Genome_Tile_rc|1
ATGTCTTAAACAAAACCTTACATCTAACAGTTAAACAACACAAAAGACTACCTGAGTCCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt0381_Genome_Tile_rc|1
AATTTCTCTAAGTAATCCAAATGTCTTAAACAAAACCTTACATCTAACAGTTAAACAACAC
>HPV92_Beta_27531786_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TGCCTGATGCACAACTGCCAATTTCTCTAAGTAATCCAAATGTCTTAAACAAAACCTTAC
>HPV92_Beta_27531786_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TCTAACTCTATCAAAAGGAATGCCTGATGCACAACTGCCAATTTCTCTAAGTAATCCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt0461_Genome_Tile_rc|1
ATATCTCTGTACAAAACCTACACACTGCCTTCCAAGCTCCTCTAACTCTATCAAAAGGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt0641_Genome_Tile_rc|1
AAAATTTCGAAGCTTAATTCGCGAGCCACCACAGGAAACTATCTTGTAGTCTATTCTT
>HPV92_Beta_27531786_nt0901_Genome_Tile_rc|1
TTGGGGATTTCCTAATCTGCGTCCCCAAGGTCCCATCATCTAATAAATCTGAAATATC
>HPV92_Beta_27531786_nt1061_Genome_Tile_rc|1
GTTCTCGAACAGTCGCCTCTTACTTTTGCGTTGAGGCGAAATAGTAATAGATTCCAATT
>HPV92_Beta_27531786_nt1081_Genome_Tile_rc|1
AAGCTCAAGTCCGCTGTCCTGTTTCCTCGAACAGTCGCCTCTTACTTTTGCGTTGAGGCGA
>HPV92_Beta_27531786_nt1181_Genome_Tile_rc|1
CCTTAGTTTCTGCTGTAGCAGAAACAGTTTCTGGGACGTCATCTTTTGACCCCGGTACCT
>HPV92_Beta_27531786_nt1201_Genome_Tile_rc|1
ATGTTCTTTGTTTTGGCTTCCCTTAGTTTCTGCTGTAGCAGAAACAGTTTCTGGGACGTC
>HPV92_Beta_27531786_nt1241_Genome_Tile_rc|1
ATGTAGCCCGCGCATTGCTGCACTGTAGTAAGTGTGTAATGTTCTTTGTTTTGGCTTC
>HPV92_Beta_27531786_nt1261_Genome_Tile_rc|1
AGCTTTAAATTTACTAAGCAATGTAGCCCGCGCATTGCTGCACTGTAGTAAGTGTGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt1441_Genome_Tile_rc|1
ATACAAAGATATTGGAGATAAAACATGCAACCAAATATATTACAATGCTGCTGAAATAA
>HPV92_Beta_27531786_nt1461_Genome_Tile_rc|1

CCAGTTTTTAAAACATAGTAAATACAAAGATATTGGAGATAAAAACATGCAACCAAATATAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TTACAGTATTTCTGCTTTTTTCCAGTTTTTAAAACATAGTAAATACAAAGATATTGGAGATA
>HPV92_Beta_27531786_nt1501_Genome_Tile_rc|1
AATGGACATCAACAAGTTCCTTTACAGTATTTCTGCTTTTTTCCAGTTTTTAAAACATAGTAA
>HPV92_Beta_27531786_nt1521_Genome_Tile_rc|1
TGTGCATCCCCAACATTTAAATGGACATCAACAAGTTCCTTTACAGTATTTCTGCTTTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt1561_Genome_Tile_rc|1
TGCTACTACGCTGCGAATCTGGGGTGGATCAGCTATAAGCTGTGCATCCCCAACATTTAA
>HPV92_Beta_27531786_nt1601_Genome_Tile_rc|1
ATACATTTTTTATTCATAGATTCTTTGTACCAAAACAAAGCTGCTACTACGCTGCGAATCT
>HPV92_Beta_27531786_nt1621_Genome_Tile_rc|1
TGGGTATTCTCCATGGGTATATACATTTTTTATTCATAGATTCTTTGTACCAAAACAAAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt1661_Genome_Tile_rc|1
ATTCTGATGAGAAAGCAATGTTTGATTGCTATCCACTCTGGGTATTCTCCATGGGTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1681_Genome_Tile_rc|1
ATCAAATTGCTGTGTTTCATATTCCTGATGAGAAAGCAATGTTTGATTGCTATCCACTC
>HPV92_Beta_27531786_nt1701_Genome_Tile_rc|1
CACTGAATCATCTACTTAAATCAAATTGCTGTGTTTCATATTCCTGATGAGAAAGCAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1921_Genome_Tile_rc|1
TGGTCCTTCAATTGATTTCAATCTAGTATAAATCCAGGCTGACATACTCATATTTTTTCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt1941_Genome_Tile_rc|1
ACAATGTCTGACCAATGGCCTGGTCTTCAATTGATTTCAATCTAGTATAAATCCAGGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt1961_Genome_Tile_rc|1
GCTGAAATCGTATAAATTTAACAATGTCTGACCAATGGCCTGGTCTTCAATTGATTTCA
>HPV92_Beta_27531786_nt2001_Genome_Tile_rc|1
AATTGCTTGAATACATCTAGAAACATTATAAAATTAATCTGCTGAAATCGTATAAATTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt2201_Genome_Tile_rc|1
TCCAACAGCACTCGGTGGCATCATCTAGTAGTGAATTTTAGATTCTACTAATGGAGATA
>HPV92_Beta_27531786_nt2281_Genome_Tile_rc|1
TTGGACCGGATTTTTATGCTTACAATCCACACTAACCATGTTACCATCTATTCCATTTCT
>HPV92_Beta_27531786_nt2321_Genome_Tile_rc|1
TATTATTATTTGATGTAATCAATAATGGTGGAATCTAATTTGGACCGGATTTTTATGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt2341_Genome_Tile_rc|1
ATACTTTGGATCAGACATTATATTATTATTGATGTAATCAATAATGGTGGAATCTAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt2361_Genome_Tile_rc|1
ATTCTACTATGCAGATATTTATACTTTGGATCAGACATTATATTATTATTGATGTAATC
>HPV92_Beta_27531786_nt2381_Genome_Tile_rc|1
TTACAAACTCAAATGCTTTAATTCTACTATGCAGATATTTATACTTTGGATCAGACATTA
>HPV92_Beta_27531786_nt2401_Genome_Tile_rc|1
GTCCTTAAATGGAACTTATTTACAAACTCAAATGCTTTAATTCTACTATGCAGATATTT
>HPV92_Beta_27531786_nt2601_Genome_Tile_rc|1
AATGTTCAATTTGATCTTTTAAGGATTCAGTCTCTTTCATAAATGTCATTAACCTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt2621_Genome_Tile_rc|1
CTCCTGTCTTAACAAGTTCCAATGTTCAATTTGATCTTTTAAGGATTCAGTCTCTTTC
>HPV92_Beta_27531786_nt2681_Genome_Tile_rc|1
TACTGGCTGATAACCAAGGCGCAATACTCCTCTTTGTCTGGCATAATGAAATAACACCTG
>HPV92_Beta_27531786_nt2701_Genome_Tile_rc|1
TCTGAAATAGTTAATGCAGGTACTGGCTGATAACCAAGGCGCAATACTCCTCTTTGTCTG
>HPV92_Beta_27531786_nt2721_Genome_Tile_rc|1
TGGCTTCCTTAGCTTTAGCCTCTGAAATAGTTAATGCAGGTACTGGCTGATAACCAAGGC
>HPV92_Beta_27531786_nt2741_Genome_Tile_rc|1
TAAATGTAAACCATAGCAATGGCTTCCTTAGCTTTAGCCTCTGAAATAGTTAATGCAGG
>HPV92_Beta_27531786_nt2761_Genome_Tile_rc|1
GGTGATCTTTGCAATGCTTCTAAATGTAAACCATAGCAATGGCTTCCTTAGCTTTAGCC

>HPV92_Beta_27531786_nt2781_Genome_Tile_rc|1
TCCATTTTTCATTTTGTAAAGGTGATCTTTGCAATGCTTCTAAATGTAAAACCATAGCAA
>HPV92_Beta_27531786_nt2841_Genome_Tile_rc|1
CCTTTTAAACAATTTTCTGGGGGTGTGCGAAACGTTTCTACACTTGTATTTACTAATG
>HPV92_Beta_27531786_nt2861_Genome_Tile_rc|1
TATTTCAATAGTCTTAGGGCCCTTTTAAACAATTTTCTGGGGGTGTGCGAAACGTTTC
>HPV92_Beta_27531786_nt2901_Genome_Tile_rc|1
TAGTGTATAACATTGTATTTTCAGGATTGCCATCATACACTATTTCAATAGTCTTAGGGC
>HPV92_Beta_27531786_nt2921_Genome_Tile_rc|1
AAAATATATATGTGTCCAAATAGTGTATAACATTGTATTTTCAGGATTGCCATCATACAC
>HPV92_Beta_27531786_nt2961_Genome_Tile_rc|1
AATGTCCCTCAGTCTTTTGCCAGTTGCCCTTCGTCATCTTCAAAATATATATGTGTCCAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt2981_Genome_Tile_rc|1
ATAGGCACCATGATAGTCCAAATGTCCCTCAGTCTTTTGCCAGTTGCCCTTCGTCATCTTC
>HPV92_Beta_27531786_nt3001_Genome_Tile_rc|1
TTATTTAATCCATCCATAAAATAGGCACCATGATAGTCCAAATGTCCCTCAGTCTTTTGC
>HPV92_Beta_27531786_nt3021_Genome_Tile_rc|1
CAAATCTGATATAGTATTGTTTATTTAATCCATCCATAAAATAGGCACCATGATAGTCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt3041_Genome_Tile_rc|1
AAATCTGCGTGCGTCTTGAGCAAATCTGATATAGTATTGTTTATTTAATCCATCCATAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt3061_Genome_Tile_rc|1
TCCCATTTCTCCAGTTTCACTAAATCTGCGTGCGTCTTGAGCAAATCTGATATAGTATTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt3221_Genome_Tile_rc|1
TTTAGATGGTTGCTTCCGTTGAGTGGGTACAGGGGACTGTCCTCCGGATGTCTGCGAAAG
>HPV92_Beta_27531786_nt3341_Genome_Tile_rc|1
TCCTTGATGATCCCGATCTCGATCCTGACCGCGATCGTGATCTCCTCGGTGACGCTTTCGG
>HPV92_Beta_27531786_nt3421_Genome_Tile_rc|1
CCCCGACCCCGGCTTCCTTGTCCTTCTCCTTGTCCTCCCGTTCCCGTTCTCCGCGTCTGACT
>HPV92_Beta_27531786_nt3441_Genome_Tile_rc|1
TGCTTCTGTCCCGCTCCTTCCCGACCCCGGCTTCCTTGTCCTTCTCCTTGTCCTCCCGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3581_Genome_Tile_rc|1
AACAGATTTGGATCTTGACCTCCTGTTGCTGTACCCTCTACGGCCTCTGGAGGCTGCTCT
>HPV92_Beta_27531786_nt3601_Genome_Tile_rc|1
GGTGGTATGCCACTTGTGCCAACAGATTTGGATCTTGACCTCCTGTTGCTGTACCCTCTA
>HPV92_Beta_27531786_nt3741_Genome_Tile_rc|1
CCCTGTAGCGATAACACTTAAGAGTATTGGCTTGTCTTTCAACAAAATTACTGGGGGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt3761_Genome_Tile_rc|1
GCCTTTTATACTTTTCTTTAGCCCTGTAGCGATAACACTTAAGAGTATTGGCTTGTCTTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3781_Genome_Tile_rc|1
GTACTGAAGCAATCATAATAGCCTTTTACTTTTCTTTAGCCCTGTAGCGATAACACTTA
>HPV92_Beta_27531786_nt3801_Genome_Tile_rc|1
CACTGACCCATGACCATGTAGTACTGAAGCAATCATAATAGCCTTTTACTTTTCTTTAG
>HPV92_Beta_27531786_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GAGATTTACTGGTAAAGCTAATAATCATTTCTAGAGCGTCCTATTCTATCGTTGCTACCTG
>HPV92_Beta_27531786_nt3921_Genome_Tile_rc|1
ACCCAAGAGACCAATCAACGCCCTTTGGTAATTTTATAATACTTAAAAACATTTGTCTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt3961_Genome_Tile_rc|1
AAAAAACTAGAAAGGTTAGTGTGTAAATAGAGTCAAAGCACCCAAGAGACCAATCAACG
>HPV92_Beta_27531786_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TTGAAACGTATGTGTAGTAAAAAACTAGAAAGGTTAGTGTGTAAATAGAGTCAAAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TTTCCAACCTCTTACACTCGTCCCTTCACCTAATGGCCCATATCCAGTGCTACCACCAGTG
>HPV92_Beta_27531786_nt4261_Genome_Tile_rc|1
GCCTAATAACTGTGGGTGTATTTCCAACCTTACACTCGTCCCTTCACCTAATGGCCCAT
>HPV92_Beta_27531786_nt4321_Genome_Tile_rc|1

GATTGACACTGTCAATAGGTATTAGTTCACTTGGTCCTATAGCCTCAGGCACCAAAGCAG
>HPV92_Beta_27531786_nt4341_Genome_Tile_rc|1
AGAAGCACTGGGGTCAATAGGATTGACACTGTCAATAGGTATTAGTTCACTTGGTCCTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt4361_Genome_Tile_rc|1
TCTGTTAAAGGTATGATAGAAGAAGCACTGGGGTCAATAGGATTGACACTGTCAATAGGT
>HPV92_Beta_27531786_nt4381_Genome_Tile_rc|1
AGAGGTCAGGACCTGTTGACTCTGTTAAAGGTATGATAGAAGAAGCACTGGGGTCAATAG
>HPV92_Beta_27531786_nt4401_Genome_Tile_rc|1
TGTTTTCTATTTACCTGGTAAGAGGTCAGGACCTGTTGACTCTGTTAAAGGTATGATAGA
>HPV92_Beta_27531786_nt4461_Genome_Tile_rc|1
CCCAGTCACCACTGGTGTATCTACTGTAGGTATGTCAGGGGCAGGATGCACCTCTGCAAT
>HPV92_Beta_27531786_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TGATTTGAAATGCAGGATTGTTATATTGTGTTCTACTAACTCTGTTTCGTGTGGGTGGAC
>HPV92_Beta_27531786_nt4601_Genome_Tile_rc|1
GATAGGGACGTTTCCCCCGCACTTGGTGTAGTTTCAGATATGATTTGAAATGCAGGATTG
>HPV92_Beta_27531786_nt4681_Genome_Tile_rc|1
CTATTTCAACTACTGATCGCGGAGGTGGGTACCACCTATATATTGTCCACCATCAAATG
>HPV92_Beta_27531786_nt4701_Genome_Tile_rc|1
TGAGGGAATTTCTTGTAATTCTATTTCAACTACTGATCGCGGAGGTGGGTACCACCTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt4801_Genome_Tile_rc|1
ATAAAGCCCTCCGTAATGCTGAGGCCATTTGTTGTGCCTGTCTGACAGGAGTGCTTGTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GGATCTTCCACTTGAACCTGCTGTGTGAACCTTCTATTGTATAAAGCCCTCCGTAATGCT
>HPV92_Beta_27531786_nt4861_Genome_Tile_rc|1
AAGGTCTACTATAAAACATTGGATCTTCCACTTGAACCTGCTGTGTGAACCTTCTATTGT
>HPV92_Beta_27531786_nt4881_Genome_Tile_rc|1
TTGAAACCTAACTAACCTGGAAGGTCTACTATAAAACATTGGATCTTCCACTTGAACCTG
>HPV92_Beta_27531786_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CAAGTCTGCTAACCCCTTATATAGCCTGCAGGTGTTTCAGCATAGGTAGGCCTACCAAGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CCTTATAGTAGCTCGTTTGCCAAGTCTGCTAACCCCTTATATAGCCTGCAGGTGTTTCAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt5081_Genome_Tile_rc|1
ATTGTAGTTCAGACCTGGTCTTATAGTAGCTCGTTTGCCAAGTCTGCTAACCCCTTATA
>HPV92_Beta_27531786_nt5121_Genome_Tile_rc|1
AATACTGCTAATATCCCTAAAAAATGTACCTGACCGCTATTGTAGTTCAGACCTGGT
>HPV92_Beta_27531786_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TCAATAGAAGGTTGAGTATCAATACTGCTAATATCCCTAAAAAATGTACCTGACCGCCT
>HPV92_Beta_27531786_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GTTCCCCAAGAAGTTGCAGTTCAATAGAAGGTTGAGTATCAATACTGCTAATATCCCTAA
>HPV92_Beta_27531786_nt5241_Genome_Tile_rc|1
TAAATTAGGTAACCTCTCCAAATCAATATTTACGAACGTACTTTCCACAGGACCCTGGAC
>HPV92_Beta_27531786_nt5281_Genome_Tile_rc|1
CAATAAGTATATCATCAGATTCTAGGTGTACATTTTCCTCTAAATTAGGTAACCTCTCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GTTTCCCTTACAGTTTCAAAGCGAGGTAATGTAACAGTATTTGATCTTCTAGAATTTCCA
>HPV92_Beta_27531786_nt5401_Genome_Tile_rc|1
AATCTACAGTATATAAAGAAGTTTCCCTTACAGTTTCAAAGCGAGGTAATGTAACAGTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt5421_Genome_Tile_rc|1
AGACACATGGAATCCATCTAAATCTACAGTATATAAAGAAGTTTCCCTTACAGTTTCAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TACGCTCTACTCTCAGGATAAGACACATGGAATCCATCTAAATCTACAGTATATAAAGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CTGTAGGAATAACTTCTGGATACGCTCTACTCTCAGGATAAGACACATGGAATCCATCTA
>HPV92_Beta_27531786_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TGTTGGGGTATTATCTGGTTCTGTAGGAATAACTTCTGGATACGCTCTACTCTCAGGATA

>HPV92_Beta_27531786_nt5641_Genome_Tile_rc|1
CCTTGCAACCGGTGTTGAAGGGGGTAAGTATACCTTACCATTTGCTGGAAGCCAATAGGA
>HPV92_Beta_27531786_nt5761_Genome_Tile_rc|1
ATCATGTGGATCAACTGAGCTTCTCACTTCAAAATAAGGGTGTCCAAGTGTGAGCAGGCG
>HPV92_Beta_27531786_nt6041_Genome_Tile_rc|1
TTTGCTTTGGATCAAAAGATGTGTTTACTCTGTCATCCTTTGTTCCAGTATTGTACTTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6081_Genome_Tile_rc|1
TCACCTAAGCATGGTGTACATCCTAAAAACAAATAACTGAATTTGCTTTGGATCAAAAGAT
>HPV92_Beta_27531786_nt6161_Genome_Tile_rc|1
CAGTGTTTTTTAACTCTAATGGTGGGCATCCCCAGTATCTGGTTGCTTTTCAGCACATG
>HPV92_Beta_27531786_nt6221_Genome_Tile_rc|1
ATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTATGTCAACCATATCTCCATCAGAGATAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6241_Genome_Tile_rc|1
TACGTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATATTACCGAAGCCTATGTCAAC
>HPV92_Beta_27531786_nt6261_Genome_Tile_rc|1
GAGTCTACTATATCCAACTTACGTCAGATTTGGTTACTGATAAGGCCTTAAATTCATA
>HPV92_Beta_27531786_nt6441_Genome_Tile_rc|1
GCTGCAGGTAACATAAAGTTATGGTCTTCATTTACAAGTGCATCTGGGATGGTATCACCC
>HPV92_Beta_27531786_nt6461_Genome_Tile_rc|1
TTCTAGACTGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACATAAAGTTATGGTCTTCATTTACAAGT
>HPV92_Beta_27531786_nt6481_Genome_Tile_rc|1
GATAGAAGTGGCAATTTGACTTCTAGACTGGTCACTGGATGCTGCAGGTAACATAAAGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt6641_Genome_Tile_rc|1
TATTAAAGTTAGTATTCTGTTATTATCACAACTGTCAGAAACAGTTCATTACTCCAGC
>HPV92_Beta_27531786_nt6661_Genome_Tile_rc|1
ACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAGTTAGTATTCTGTTATTATCACAACTGTCAG
>HPV92_Beta_27531786_nt6681_Genome_Tile_rc|1
TCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAATATTAAGTTAGTATTCTG
>HPV92_Beta_27531786_nt6701_Genome_Tile_rc|1
ATTCTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACCACCTTCCTTAGGGACACTAA
>HPV92_Beta_27531786_nt6721_Genome_Tile_rc|1
TTCTTCAACATGTCTAGTGTATTCTCTAATCTTTTGTGAATCATAGTCGGTTATTTGACC
>HPV92_Beta_27531786_nt6741_Genome_Tile_rc|1
AATATTAGTGATATTTTCATATTCTTCAACATGTCTAGTGTATTCTCTAATCTTTTGTGAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7061_Genome_Tile_rc|1
TAAGACCATTAAACAGATGTATTAGTTAATCCAGCTTGAAATAAAAATTTCTACCCAATG
>HPV92_Beta_27531786_nt7081_Genome_Tile_rc|1
AGAAGTGTCTTAGTTCTTTTAAAGACCATTAAACAGATGTATTAGTTAATCCAGCTTGAAA
>HPV92_Beta_27531786_nt7101_Genome_Tile_rc|1
TTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTTTAAAGACCATTAAACAGATGTA
>HPV92_Beta_27531786_nt7121_Genome_Tile_rc|1
CGTTTTAGTTACTTTTTCTTTTTCGTTTAGTACCTCTTTGAGAACTGCTTCTAGTTCTTT
>HPV92_Beta_27531786_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TTTCAATAAAGAATACTGACCGTTTTAGTTACTTTTTCTTTTTCGTTTAGTACCTCTTTG
>HPV92_Beta_27531786_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TGAGTTAGTCAGAATAGATAATAATCATTACTCATAACACATGAGTTCCAAAAATTTTAT
>HPV92_Beta_27531786_nt7241_Genome_Tile_rc|1
CAGCGTTTATATTGAATACACCGGGCGCGGTTAACATGTTTGAGTTAGTCAGAATAGATA
>HPV92_Beta_27531786_nt7261_Genome_Tile_rc|1
TCCTTGACAACCTGTACCATCAGCGTTTATATTGAATACACCGGGCGCGGTTAACATGTT
>HPV92_Beta_27531786_nt7281_Genome_Tile_rc|1
TGTAGTTTCAGACTGCCAAGTTCCTTGACAACCTTGTTACCATCAGCGTTTATATTGAATACA
>HPV92_Beta_27531786_nt7301_Genome_Tile_rc|1
CTTCCAGGTGTTGGCACCCTGTAGTTTCAGACTGCCAAGTTCCTTGACAACCTTGTTACCAT
>HPV49_Beta_9627363_nt0001_Genome_Tile_rc|1

TTATCGTTCTGGTGTGCTGCCAAAGAGTTGGCGCCAAAATGTAGCTGGAACGAATGTGG
>HPV49_Beta_9627363_nt0081_Genome_Tile_rc|1
TATATCTGTTTCAAGATTGTTGTTAACAACCACAAGAGATGACTAAGTATAATGTGACCG
>HPV49_Beta_9627363_nt0121_Genome_Tile_rc|1
TCCAAGAATAAAGAAAGTACAGCACGCAAGCGGTTACATGTATATCTGTTTCAAGATTGT
>HPV49_Beta_9627363_nt0221_Genome_Tile_rc|1
AAAATTACAAGGAAGCAAAACTTCCCAAATAGGTATATTTAAGTGGTGGGCTAGCTCACA
>HPV49_Beta_9627363_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TATGTTAGAAAACCCCGTGCAAAAATTACAAGGAAGCAAACTTCCCAAATAGGTATATTT
>HPV49_Beta_9627363_nt0261_Genome_Tile_rc|1
CAAATTCTAACAACTCCTGATATGTTAGAAAACCCCGTGCAAAAATTACAAGGAAGCAAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt0301_Genome_Tile_rc|1
ACAAATCCGTCTTTCCACAGCAAATTAAGTCTTTATAGTCAAATTCTAACAACTCCTGA
>HPV49_Beta_9627363_nt0321_Genome_Tile_rc|1
AAGCTGCACAACAACCAAGACAAATCCGTCTTTCCACAGCAAATTAAGTCTTTATAGT
>HPV49_Beta_9627363_nt0341_Genome_Tile_rc|1
ATATGCTGATCTATAGGCACAAGCTGCACAACAACCAAGACAAATCCGTCTTTCCACAG
>HPV49_Beta_9627363_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TGCCTACGACAATTTCTTGGTGATAATTAGTAAACTCGTGATATGCTGATCTATAGGCAC
>HPV49_Beta_9627363_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TGCTCGTCCCTTCTATTTTCGATGCCTACGACAATTTCTTGGTGATAATTAGTAAACTCGTG
>HPV49_Beta_9627363_nt0421_Genome_Tile_rc|1
ATCTCAGCAATATTAGCCGCTGCTCGTCCCTTCTATTTTCGATGCCTACGACAATTTCTTGG
>HPV49_Beta_9627363_nt0441_Genome_Tile_rc|1
AAATGAGACATCTGACTACTATCTCAGCAATATTAGCCGCTGCTCGTCCCTTCTATTTTCGA
>HPV49_Beta_9627363_nt0481_Genome_Tile_rc|1
CAAATATCAAGCTTTTCCAACAAATCTAGCCTCTTAAGGCAAATGAGACATCTGACTACT
>HPV49_Beta_9627363_nt0801_Genome_Tile_rc|1
AGCAGTTCTTGAAACTTCTAATAGCAGCGTCAGTGGCTAACACGAAGACTCGCAGTCTG
>HPV49_Beta_9627363_nt0821_Genome_Tile_rc|1
AGAATTGCAGTTCCTCCAGAAGCAGTTCTTGAAACTTCTAATAGCAGCGTCAGTGGCTA
>HPV49_Beta_9627363_nt1001_Genome_Tile_rc|1
CTCATCATTTAACAAATTTGAAATATTGGACTTTGGGCTTTTCATCAAATAATTGTTCCAA
>HPV49_Beta_9627363_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TCTTTGCATGATTAAAACACAGTAAATATAAAGTCATAATCCCATTTATATTTATCCACA
>HPV49_Beta_9627363_nt1621_Genome_Tile_rc|1
TCCAGTATTGACATAAGCAATCTACCAACAGTTTCTCTACTCTTTGCATGATTAAAACAC
>HPV49_Beta_9627363_nt2121_Genome_Tile_rc|1
TAAACTGTTTAAATGCATCCAGAAATATTATAAAGTTTATTTCTTGAAATCTTATAAACT
>HPV49_Beta_9627363_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TTTTTTAGGTTTGCCATGTATAAACTGTTTAAATGCATCCAGAAATATTATAAAGTTTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt2241_Genome_Tile_rc|1
CATTTACAAATGAAATTACCTTGCCCTTTTAAAACTTTTAATAATGACATAGCAAACATTG
>HPV49_Beta_9627363_nt2441_Genome_Tile_rc|1
AATATTATAATTTGAAGTTATTAACAATGGTGGGAACCTAATTTGCATAGGGGTTTTATG
>HPV49_Beta_9627363_nt2501_Genome_Tile_rc|1
ATGTTTAAATTCAAATATTGCAATTCTACTGTACAAAACTTATATTTATCATTAGCTTT
>HPV49_Beta_9627363_nt2781_Genome_Tile_rc|1
TCTCATTATGCTGTGTTTACGTGCAAAAAATAATAAAGCTTGTTTCCTGTCTTAACAGTTT
>HPV49_Beta_9627363_nt2801_Genome_Tile_rc|1
GGTACGGGTTGATACCCAGTCTCATTATGCTGTGTTTACGTGCAAAAAATAATAAAGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt2841_Genome_Tile_rc|1
AATAGCTTGTGTTGGCTTTGGTTTCAGATACTGCCATCGGAGGTACGGGTTGATACCCAG
>HPV49_Beta_9627363_nt2861_Genome_Tile_rc|1
TGCAAAGTTAGCATCATGCCAATAGCTTGTTTGGCTTTGGTTTCAGATACTGCCATCGGA

>HPV49_Beta_9627363_nt2981_Genome_Tile_rc|1
ATAACTTCTATATTATAAGGACCTTTTTTAAAGCACTGTGCTGGTGGTGCATTGTATGTT
>HPV49_Beta_9627363_nt3121_Genome_Tile_rc|1
GTTTGATAGTTCATCCTTATAATATGCACCTGCATAATCCACCTCACCTTGCACCTTTT
>HPV49_Beta_9627363_nt3141_Genome_Tile_rc|1
AGCGAAGGTAACATAATACTGTTTGATAGTTCATCCTTATAATATGCACCTGCATAATC
>HPV49_Beta_9627363_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CTCCCTCTGCCCTGCGGGTCTCTTGGGGCTGGAATCTCTGGAGGTTGTGACAGATCCT
>HPV49_Beta_9627363_nt4041_Genome_Tile_rc|1
CTTCATAATTTTAACATACTGTGATCTAGTGTCTGTTTGAAGTAAAACTTAAAAGCATACG
>HPV49_Beta_9627363_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AAAAAGCAATATAAAAATGTTAAAAGATTAATGTGTTAGTAGTGCAAGCACCGTTAGTAT
>HPV49_Beta_9627363_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CGCACCATTATATAAAAATAAAAAGCAATATAAAAATGTTAAAAGATTAATGTGTTAGT
>HPV49_Beta_9627363_nt4481_Genome_Tile_rc|1
GGAATGATATCCGCCGACCAATAGCCTCAGGGAGTATACCTGGACGAACAACACTTGA
>HPV49_Beta_9627363_nt4701_Genome_Tile_rc|1
AATTCTGGTGCGAGTGGGTGGTGTGGGTTTCAGAGGCAACCTCCAATACAGCACTGGAGCC
>HPV49_Beta_9627363_nt4721_Genome_Tile_rc|1
TTATGGTACTGTGTTCTGGAAATTCTGGTGCGAGTGGGTGGTGTGGGTTTCAGAGGCAACC
>HPV49_Beta_9627363_nt4741_Genome_Tile_rc|1
TTAATATTTGAAAAGAGGGATTATGGTACTGTGTTCTGGAAATTCTGGTGCGAGTGGGTG
>HPV49_Beta_9627363_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TATTGGTTGACCACCAGAACCCTAGTAACAACAACATGATCAGTTAATGCAGATTCTCC
>HPV49_Beta_9627363_nt4841_Genome_Tile_rc|1
TCAACTGGTGTAACCTCCACCTATTGGTTGACCACCAGAACCCTAGTAACAACAACATGA
>HPV49_Beta_9627363_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GAAGTTCTTGTAATTCTATTTCAACTGGTGTAACCTCCACCTATTGGTTGACCACCAGAAC
>HPV49_Beta_9627363_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTAAGAATAATGGATCCTGGACATTTACTTGTGAGTAAGTCGCCTATTATATAGT
>HPV49_Beta_9627363_nt5181_Genome_Tile_rc|1
CTGTGGTGTTCAGAGTAAAGAGGGCGGCTTAATTTTGCTATATCTAAAAAGTCTCTGTC
>HPV49_Beta_9627363_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CGGCTTACCCTGACATATCCCTGTGGTGTTTCAGAGTAAAGAGGGCGGCTTAATTTTGCT
>HPV49_Beta_9627363_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TAGAAGCCCTATTACCTAAGCGGCTTACCCTGACATATCCCTGTGGTGTTTCAGAGTAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AGCTCCACTACGTGTTCTAATAGAAGCCCTATTACCTAAGCGGCTTACCCTGACATATCC
>HPV49_Beta_9627363_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TGCTAAGATCTGTATAAAAATGCACTTGAGCCCCTACTGTAGCTCCACTACGTGTTCTAA
>HPV49_Beta_9627363_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AGACTCCTCTGCATCGATTGTGCTAAGATCTGTATAAAAATGCACTTGAGCCCCTACTGT
>HPV49_Beta_9627363_nt5321_Genome_Tile_rc|1
CCTAATAGTGATAACTCTATAGACTCCTCTGCATCGATTGTGCTAAGATCTGTATAAAAA
>HPV49_Beta_9627363_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TGGGTCTACTTCTATTACTTGAGGCAGTTCCTGAACATTTAAATCTACAAATGAGCTTTC
>HPV49_Beta_9627363_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TCAGAGTGGAAAGTAGGTTCTGGGTCTACTTCTATTACTTGAGGCAGTTCCTGAACATTT
>HPV49_Beta_9627363_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GCTCATCCAGTAGCAAATCATCAGAGTGGAAGTAGGTTCTGGGTCTACTTCTATTACTT
>HPV49_Beta_9627363_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ATGTGGTAGAACGCCTGCCACTACCATAAACTAACTGGGAGCCAGAAAAATCTTCATTTT
>HPV49_Beta_9627363_nt5541_Genome_Tile_rc|1
AGAGAAGCGGGGTACAGTAAATGTGGTAGAACGCCTGCCACTACCATAAACTAACTGGGA
>HPV49_Beta_9627363_nt5561_Genome_Tile_rc|1

AAGGTATCAGATCTGGGAGTAGAGAAGCGGGGTACAGTAAATGTGGTAGAACGCCTGCCA
>HPV49_Beta_9627363_nt5581_Genome_Tile_rc|1
CTTCCAAATCTTGTACATAAAAGGTATCAGATCTGGGAGTAGAGAAGCGGGGTACAGTAA
>HPV49_Beta_9627363_nt5601_Genome_Tile_rc|1
AGGATATGACACAGCATAACCTTCCAAATCTTGTACATAAAAGGTATCAGATCTGGGAGT
>HPV49_Beta_9627363_nt5621_Genome_Tile_rc|1
TCTGGATAATTCCTTCGTTTCAGGATATGACACAGCATAACCTTCCAAATCTTGTACATAA
>HPV49_Beta_9627363_nt5661_Genome_Tile_rc|1
AATTATTACAGTTGGCAAATCGGGTTGAGGATAAATAATTTCTGGATAATTCCTTCGTTTC
>HPV49_Beta_9627363_nt5681_Genome_Tile_rc|1
CCAGAGGTATCTGCAGTATGAATTATTACAGTTGGCAAATCGGGTTGAGGATAAATAATT
>HPV49_Beta_9627363_nt5701_Genome_Tile_rc|1
TTGGATGTAAATAGAAGTCCCCAGAGGTATCTGCAGTATGAATTATTACAGTTGGCAAAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CAGGATTGGGAAAAAACATTTCCCAATCTGTCCAGCAGTGTACTGCAGCACTTATATATG
>HPV34_Alpha_9627334_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TATCTTCTATATTGTCTAACCTTTGAGTAAACAGTAAACACGGTTGACATACCCCAAGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt0301_Genome_Tile_rc|1
GTCCATACACTGATTGGTTATATCTTCTATATTGTCTAACCTTTGAGTAAACAGTAAAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt0321_Genome_Tile_rc|1
AGTTAAATTCTCTAACGTCCGTCCATACACTGATTGGTTATATCTTCTATATTGTCTAAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt1141_Genome_Tile_rc|1
GTGTCCCTTATCGTCAATATATGTGGACTACGCTGTTTGTGTTTCAATTCATGTCTTTTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt1161_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGTAGATGTAGTATTAGTGTCCCTTATCGTCAATATATGTGGACTACGCTGTTTGT
>HPV34_Alpha_9627334_nt1181_Genome_Tile_rc|1
GTCTTGTTCCTCACACAATAGGTGTGTAGATGTAGTATTAGTGTCCCTTATCGTCAATAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt1301_Genome_Tile_rc|1
TGTTTTCCCTGGCGACGCCATTTGGCTGCCGTTGTTACTACTGCTAGTACTTTGTAAACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TTGCCTTTACATTACTACTTTTTTAATATGTTTGTAAATGTCCGTTATAGGTGTGCTTTCCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TTTAAATTTTGCTAATAATGTTGCCTTTACATTACTACTTTTTTAATATGTTTGTAAATGTC
>HPV34_Alpha_9627334_nt1581_Genome_Tile_rc|1
ATTGTAGATGTATGTATAGGCAATATTGGGTTAGTAATGATTTTAACTTTCTGCCAATG
>HPV34_Alpha_9627334_nt1621_Genome_Tile_rc|1
GCTAACAATAATACTATTATACCCACGAACATGTTAAACATTGTAGATGTATGTATAGG
>HPV34_Alpha_9627334_nt2161_Genome_Tile_rc|1
GCAATTAAAAACGGTACAAATTCAACCTGCTGATATCTTAAAAATTGCACAATATGTTTC
>HPV34_Alpha_9627334_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TCACTTTATACCACTTGCCTTCCAACCAATAATACACAAATGTCCATACCACATATTGCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3141_Genome_Tile_rc|1
ATTATAATCTACATGGCTACTCACTTTATACCACTTGCCTTCCAACCAATAATACACAAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3161_Genome_Tile_rc|1
TGTGTTTCATAATATATACCAATTATAATCTACATGGCTACTCACTTTATACCACTTGCCT
>HPV34_Alpha_9627334_nt3221_Genome_Tile_rc|1
TTAACCCCATATCGTTTTGCATCTCTGTCAAATTTGTGTATAATATACCTTTTCATTGTCC
>HPV34_Alpha_9627334_nt3441_Genome_Tile_rc|1
TGAGTCTGTTGTGGGCTGTAGGTTATGTACAAAGTCCAAGGGCCCTCGTCTGGGTCACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3661_Genome_Tile_rc|1
CACATTGTAAAAATTGTTTTTGTGGGATGTACTGGAAAACATAAATGTAATTACACCAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt3701_Genome_Tile_rc|1
ATATACCCTGATGACACTGATATAGTTGGTGGTATTTTAGCACATTGTAAAAATTGTTTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TTATACAGTATACCAATGTATACAATTGTAACCAATGTTACATATTTGTGTTATATGGAC

>HPV34_Alpha_9627334_nt3781_Genome_Tile_rc|1
ATATAAAAAATGATCATGACATTATACAGTATACCAATGTATACAATTGTAACCAATGTTA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3901_Genome_Tile_rc|1
ATTGGGACACATGTAAAAAAGTAATTATAATCAAAAGCAATAACCATGCATAAACACACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TATATATACTTTTAAACAGGGATTGGGACACATGTAAAAAAGTAATTATAATCAAAAGCAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ATGTAATAACAGGAGGTCTGGTAGGTTGCAAAGGAATTTCAACTGGTCTAGATGGAGTAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt4441_Genome_Tile_rc|1
GAACTAGAAGGCACTATGGAGGTAGGACCTGGCACACCAGCTTCAATAAAACTTGACTCC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5141_Genome_Tile_rc|1
ATCATATAGCCCATCATTAATGCCATTAGCATCTGTTACAGTAGCAGATGCAGAAGGCAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5161_Genome_Tile_rc|1
ACATTATTATCTAACAATACATCATATAGCCCATCATTAATGCCATTAGCATCTGTTACA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TGTGTTTGTACCAGTAGGTGTTTCCACTTCAGTAATATCTACATTATTATCTAACAATAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt5241_Genome_Tile_rc|1
TTGCAGTTGTAGTGGAAATCTCACTTGCAAAAACACTTTGTGTGTTTGTACCAGTAGGTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5261_Genome_Tile_rc|1
ATTTAAAGGAATAGTGGTATTTGCAGTTGTAGTGGAAATCTCACTTGCAAAAACACTTTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GGTACAGTTGGGGTAAAAATGGTTTCTGCAGTAGGTACAGGTAAAGCAATATCAGGGCCA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GTTTGCCTGGAATGACATACAAGCTAGGATGCAATATAAAATCGGACCCATATATATATA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5881_Genome_Tile_rc|1
ACTCCCTACTATCTGCTATGTTTCCACCAATATATTTTGCAGCATTTTCAGTATCCTCAA
>HPV34_Alpha_9627334_nt5901_Genome_Tile_rc|1
TTTATAATCTACTGACATACACTCCCTACTATCTGCTATGTTTCCACCAATATATTTTGC
>HPV34_Alpha_9627334_nt6541_Genome_Tile_rc|1
GTCTGAGGTATTCCTTAAATTACTGTTTGCATATGGTGCAGTTGTACTTGTGGATTGTG
>HPV34_Alpha_9627334_nt7061_Genome_Tile_rc|1
CAATAATACATACATTACATAACATATACAAACACACAATACACATACACAAACATATAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt7081_Genome_Tile_rc|1
CCACACCACATACAACAATAACAATAACATACATTACATAACATATACAAACACACAAT
>HPV34_Alpha_9627334_nt7301_Genome_Tile_rc|1
ACCTTTGTGCTAAAACAGCACAAACAGACCAAACATGTTATAGTATAGGCAACCGAAAG
>HPV34_Alpha_9627334_nt7321_Genome_Tile_rc|1
AGGAAGCCAAAACACATTAAACCTTTGTGCTAAAACAGCACAAACAGACCAAACATGTT
>HPV34_Alpha_9627334_nt7401_Genome_Tile_rc|1
GTGTATGACCTTGCGTAGGATGAAACATAAGCAGGAAGCATGTTAATCCTAAGTGCTTGA
>HPV34_Alpha_9627334_nt7601_Genome_Tile_rc|1
AAAATGAGTAAGCACTGCTTAGTCAGTTTCAACAATTACCTGGCATGTAAAATACAATG
>HPV34_Alpha_9627334_nt7621_Genome_Tile_rc|1
CGGTTTAAACAGTCCAGGTGCAAAATGAGTAAGCACTGCTTAGTCAGTTTCAACAATTAC
>HPV34_Alpha_9627334_nt7661_Genome_Tile_rc|1
TTATAATTATAAAAGGGTTGGTACACTGTGTGATCCAAAACGGTTTAAACAGTCCAGGTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt0181_Genome_Tile_rc|1
GATATGCATACGCTTCAGCACTGGTTAAGTGGTTTTTACACCAAATACAGCAGATTTGTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TACGTGCAAAATCTTTAAAATGATATGCATACGCTTCAGCACTGGTTAAGTGGTTTTTACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0221_Genome_Tile_rc|1
GGAAAGCCTTTCTTCCACACTACGTGCAAAATCTTTAAAATGATATGCATACGCTTCAGCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TTTAGAATAAAATTCTAAGCAGAAGGCACAGGCGGCATATGGAAAGCCTTTCTTCCACAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt0361_Genome_Tile_rc|1

ATATAGCACAGCGAATTATTTGTTCTTCCAACAGTAGTCCTGTTTCTTGTCTACTGTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt0401_Genome_Tile_rc|1
ATATGATGATCTTTCTCACTTGGCGATAAAGGCTTTTGACATATAGCACAGCGAATTATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TGAAATGCCGTCCGTTATAAATATGATGATCTTTCTCACTTGGCGATAAAGGCTTTTGAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt0441_Genome_Tile_rc|1
CCACCTATTTAAAATGAATCTGAAATGCCGTCCGTTATAAATATGATGATCTTTCTCACT
>HPV32_Alpha_9627327_nt0521_Genome_Tile_rc|1
TGGCAGGTCATACAAAATAATGTCCTTTAGCGTTGGTGCGTTTCCACGCATTATTCTCTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt0961_Genome_Tile_rc|1
AGGTATTATTCTGCTGTCGCTACAAAATCTACGAGGTCCAACCCGCTGTCCTCTACATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt1001_Genome_Tile_rc|1
GTTGCCTATTTAATAATGCCTGCGCCTTTAATTGATTTGTAGGTATTATTCTGCTGTCGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt1681_Genome_Tile_rc|1
TTGATTAGCAGGTATATTTAATAGTTTGACATTCCTTTAGACACTGTGGTGCGATTCTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CACCATTATCGCCAGTTCTTTCACTTCTATGTTTAATCCACTGTGGCATTGACATACGTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt2781_Genome_Tile_rc|1
CTGCTTCTATGCGTAAACACTTCCAGTGCTGCACATGTTTTTCTAAATGTTTACTATCTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt2821_Genome_Tile_rc|1
ACTTGTGCATAGCCATTTACGAGCCTTAAATAATAAGGCTGCTTCTATGCGTAAACAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3341_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGTATAGGTCGGTGGTTGTACCAATTCAGTAAGTCCAGAAGAGGATACCTCTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3421_Genome_Tile_rc|1
GGGGTGGGGTCTTTGTATAATATTCCGTCTGTGCCGTCTGGGTGCGAGTTACTCCTTGTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt3521_Genome_Tile_rc|1
CGATCCGGGGTCCACGGGTACGTTTGTGACGCCGTAGTGCTGCAGGTGCTTTGTTGGTGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt3541_Genome_Tile_rc|1
TTGTCAGATGTGACCCTTTGCGATCCGGGGTCCACGGGTACGTTTGTGACGCCGTAGTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3581_Genome_Tile_rc|1
AGTCTGATTTCCACACGGGTTCCGTCGCTGGTTATTGTTATTGTCAGATGTGACCCTTTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt3661_Genome_Tile_rc|1
AAGTGAGAACAATTTTTCTTTAACCTCCACCTTAAACACTTTAGGCAATTAGGATCACCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TGGATGACACTTGAGTAAATAAGTGAGAACAATTTTTCTTTAACCTCCACCTTAAACACT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TTTTTCTGTCAAGTGCCATGTGGATGACACTTGAGTAAATAAGTGAGAACAATTTTTCTT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TTTGAGTCAAGTGTATAGTCTTTTTCTGTGTCAGGTGCCATGTGGATGACACTTGAGTAAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TTGTTCTCATTATAATAATGAATTGTTATTATACCATCCTTTGAGTCACGTGTATAGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3781_Genome_Tile_rc|1
GTACTTAAAACTTATCTCGTTGTTCCCTCATTATAATAATGAATTGTTATTATACCATCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TACCAGGAGGAAGTTTTACAGTACTTAAAACTTATCTCGTTGTTCCCTCATTATAATAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3821_Genome_Tile_rc|1
GTACCCAATGCAAGATTTAATACCAGGAGGAAGTTTTACAGTACTTAAAACTTATCTCG
>HPV32_Alpha_9627327_nt3841_Genome_Tile_rc|1
ATAAATTGTAACATTGACATGTACCCAATGCAAGATTTAATACCAGGAGGAAGTTTTACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TGTACATATGTACACACTACATAAATTGTAACATTGACATGTACCCAATGCAAGATTTAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AATGTTCCCCCTATATATGTTTGTACATATGTACACACTACATAAATTGTAACATTGACAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CACAATAGTGGACTCACAGTAATGTTCCCTATATATGTTTGTACATATGTACACACTAC

>HPV32_Alpha_9627327_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AAAAAAAAATTGCACAGATGTTAGTAGCTGCAACCAGGACAATAGTACTAATATTAGATAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CAACAACAAGCAAAGCTAAAAAAAAAAATTGCACAGATGTTAGTAGCTGCAACCAGGACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TAGTAAAAAGGCAGGAAACACAACAACAAGCAAAGCTAAAAAAAAAAATTGCACAGATGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GCAAAGTGTATTAATAGGGTTAGTAAAAAGGCAGGAAACACAACAACAAGCAAAGCTAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4181_Genome_Tile_rc|1
AGCTATACTATTGTATGTACACCTTCTACATTAATGTAGTGCAAAGTGTATTAATAGGGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TGTACAATTATTGTGTATACCATGCACACCACACACACAGCTATACTATTGTATGTAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4241_Genome_Tile_rc|1
ATGTACCATATTATCACGTATGTACAATTATTGTGTATACCATGCACACCACACACACAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4301_Genome_Tile_rc|1
AATAAACACTGTGGCTAAAAACCACAGCAGCAGCCACACATCGCCATTTTCTAAAGTACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4321_Genome_Tile_rc|1
AACAACAGTACTAATATACAAATAAACACTGTGGCTAAAAACCACAGCAGCAGCCACACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ACGTATGTCTGCAGTAGTTTAAACAACAGTACTAATATACAAATAAACACTGTGGCTAAAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4401_Genome_Tile_rc|1
TGATAATACACTTTGGTACAAACAATACAAAAACCCAACCTTTATTTTACAGCAATGTACAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4421_Genome_Tile_rc|1
CGACTTCGGTGTGGTGGCATTGATAATACACTTTGGTACAAACAATACAAAAACCCAAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4461_Genome_Tile_rc|1
GCAGGGCCCCGGCTCTGCAACAACAGGCGGTCGTGTTCTTATAGGCACATACCCTGTGCGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4761_Genome_Tile_rc|1
CACTGGTATGCTAGAATCAATAACTGCAGACTCTTCCAATAAGGAAATTACAGATGGGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CCATGAGACGTGTGCGGTAGGCACTGGTATGCTAGAATCAATAACTGCAGACTCTTCCAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt4801_Genome_Tile_rc|1
AGGACGTAATATTAAACCCACCATGAGACGTGTGCGGTAGGCACTGGTATGCTAGAATCAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4821_Genome_Tile_rc|1
AGAGGACGGGCCACTTGCAGAGGACGTAATATTAAACCCACCATGAGACGTGTGCGGTAGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt4841_Genome_Tile_rc|1
ATGTCCAATACAGCAGGTGTAGAGGACGGGCCACTTGCAGAGGACGTAATATTAAACCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4901_Genome_Tile_rc|1
CTGTATACTGGATTGTGGGACGTAGTAGATGCAACCCTTATAGTATTGGTGGGAGGAGAA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4961_Genome_Tile_rc|1
GATGTTAAGAGTCTACCATTACCCTCTACTGGCAAAGAAGGCCGTAAAGTAAAAGGATCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt4981_Genome_Tile_rc|1
GAGGGGCTATTGTTGGGTGGGATGTTAAGAGTCTACCATTACCCTCTACTGGCAAAGAAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5001_Genome_Tile_rc|1
AGGAATTTCTCATACGAATGAGGGGCTATTGTTGGGTGGGATGTTAAGAGTCTACCATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CAGTATTACTTGTATCTGTGGATACCACAAAAGTGTCATAGGAATTTCTCATACGAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5061_Genome_Tile_rc|1
AGGAATAGGGGTACTGGTAACAGTATTACTTGTATCTGTGGATACCACAAAAGTGTCAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5141_Genome_Tile_rc|1
GTTAAAAATGTTGTAGTAGCAACTGGACGTTGTTGAGTGACCCTGGTATATAAACCAAGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GTACCCTCAGCAGGACCCTCATATGCAGGGTTGTCATAGGTTACCAAACGCTCGGGAGAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TGGGATGTTCAAATTCCAACGTACCCTCAGCAGGACCCTCATATGCAGGGTTGTCATAGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5241_Genome_Tile_rc|1

ATCAGGAGCCTCATGAATGGTGGGATGTTCAAATTTCCAACGTACCCTCAGCAGGACCCTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AGTGCCCTGCCTAGCAGATAGCACAGGACGGTGTAAATGCAATAATATCCATAAAATCAGA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5321_Genome_Tile_rc|1
CCAATACGACTGACACGGACAGTGCCTTAGCAGATAGCACAGGACGGTGTAAATGCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AATACGAGCCCCACTACGTGTTTGCAAGGAAGCCCGTTGCCCAATACGACTGACACGGAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GAGCCTAAAGGTTGCAATTCTATAGCCTCTGATGGCCTAGTGATTGGGCTAATATCATGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TAGATACAGCTGTGGAGGAGGAGCCTAAAGGTTGCAATTCTATAGCCTCTGATGGCCTAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5481_Genome_Tile_rc|1
AATTGCGGATGAAGCAGTAGTAGATACAGCTGTGGAGGAGGAGCCTAAAGGTTGCAATTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5501_Genome_Tile_rc|1
ACATCAAACAGGCCATCATTAAATTGCGGATGAAGCAGTAGTAGATACAGCTGTGGAGGAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5521_Genome_Tile_rc|1
GTATGTCAGGGTCAACATAAACATCAAACAGGCCATCATTAAATTGCGGATGAAGCAGTAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5541_Genome_Tile_rc|1
CGGTAACGCGTGTGAGGGAGGTATGTCAGGGTCAACATAAACATCAAACAGGCCATCATT
>HPV32_Alpha_9627327_nt5581_Genome_Tile_rc|1
TTAAAGAAACAGTTGACACGTGTGTGGGGGACCGTAGGGGCGGTAACGCGTGTGAGGGAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5621_Genome_Tile_rc|1
GTTGTATTTGCAGTTTGTGTCAGGAACACTACCAAGACTAGTTAAAGAAACAGTTGACACG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5681_Genome_Tile_rc|1
GACTCAGGAGGTGAAAGGTCAGGGCCTACATTAATATTTGTAGGTAAGGAAAGAGGGACA
>HPV32_Alpha_9627327_nt5701_Genome_Tile_rc|1
GTGTACTAATAAAGGGCGGAGACTCAGGAGGTGAAAGGTCAGGGCCTACATTAATATTTG
>HPV32_Alpha_9627327_nt5721_Genome_Tile_rc|1
AAAAGAAGGTGATACAGGACGTGTACTAATAAAGGGCGGAGACTCAGGAGGTGAAAGGTC
>HPV32_Alpha_9627327_nt5741_Genome_Tile_rc|1
CCTAATACCATAACAGAGTCAAAAGAAGGTGATACAGGACGTGTACTAATAAAGGGCGGA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6001_Genome_Tile_rc|1
CTTTGGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTATAATATGGATGCCCAACAGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6021_Genome_Tile_rc|1
CTATACTGCAATCCAGACACCTTTGGAATAGATGTTCTATTGGGTGTCTTCTTAATAGTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt6361_Genome_Tile_rc|1
TGGGCAGTCGCCATTTGATTGTGCAGAGCAAGCAGCACCTTACCCCAATGCTCGCCAAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt6481_Genome_Tile_rc|1
GTTCATAATATCTAATGGCACCTCAGCTTTTGAAGTTTGAAAGCACTAAAGTCCATTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6681_Genome_Tile_rc|1
ATACTACTAGCTAAATTATTTCTGCCAGAAGCACCATTAGAAGCTTTTATATACATGTCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt6901_Genome_Tile_rc|1
TAGATATTCCCTTAAAGTTAGTAGACTTGATGTGTCTTCAGTTGTTACAGTAGCACACAC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7121_Genome_Tile_rc|1
TTTTTTTCAGGTGCTGTTACCTTAGCTTGACATCGTATGGCCTGAGACTGCACAAATCTAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7141_Genome_Tile_rc|1
ATAGTCAGAAAAAGGATCCTTTTTTTTCAGGTGCTGTTACCTTAGCTTGACATCGTATGGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7281_Genome_Tile_rc|1
TGACTGGAAGATGCTGTTTCGTTTTACTGCTGTAAGTTTAGGTCTTGACGTAACCCAGCT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7301_Genome_Tile_rc|1
TTGCAGGAGAAGAAGACTTTTGACTGGAAGATGCTGTTTCGTTTTACTGCTGTAAGTTTAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt7441_Genome_Tile_rc|1
ACAACAACATACAATGAACACAATCATACTTTATTAATATGCACACCGAAACACACATAT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7461_Genome_Tile_rc|1
TTGAAAAATAAAATGGTGGTACAACAACATACAATGAACACAATCATACTTTATTAATAT

>HPV32_Alpha_9627327_nt7561_Genome_Tile_rc|1
CAGTACATATATTTGGCAGTAAAACTGCATGTGCTTGCTAAATTTAATGGACATTATCC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7621_Genome_Tile_rc|1
GCAAAAGGGCGTGTATGTTATGTATGTAAAAACATTTTGCTACTTAGCAATACCATTTGG
>HPV32_Alpha_9627327_nt7641_Genome_Tile_rc|1
CCTTTCTAAACATGCTTGTGCAAAAGGGCGTGTATGTTATGTATGTAAAAACATTTTGC
>HPV32_Alpha_9627327_nt7661_Genome_Tile_rc|1
TAAATGCAAAGCTATGCCAACCTTTCTAAACATGCTTGTGCAAAAGGGCGTGTATGTTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7681_Genome_Tile_rc|1
CAAAGGAAGAAGGAAATAAGTAAATGCAAAGCTATGCCAACCTTTCTAAACATGCTTGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7721_Genome_Tile_rc|1
TTTTAATTATACATAACAAATACAGTAGTCATAACATGAACAAAGGAAGAAGGAAATAAG
>HPV32_Alpha_9627327_nt7801_Genome_Tile_rc|1
TGACAAAGCACTAGTCTTGTCTAGGCCAGAGTAACTTGTAAGTACTGTGCCAAAACCCA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7821_Genome_Tile_rc|1
ATACTTAGTTATATAAGGCATGACAAAGCACTAGTCTTGTCTAGGCCAGAGTAACTTGTA
>HPV32_Alpha_9627327_nt7841_Genome_Tile_rc|1
TTAGATGCAGTCAGTGACTAATACTTAGTTATATAAGGCATGACAAAGCACTAGTCTTGT
>HPV32_Alpha_9627327_nt7861_Genome_Tile_rc|1
GATTTTCGGTTGACAGTTTAATTAGATGCAGTCAGTGACTAATACTTAGTTATATAAGGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt0021_Genome_Tile_rc|1
CCAGAGTTTTATAAGGAAAAAGCTGGCAACGACCGTAAACGTTTCGTGTTAGAACTAGAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt0041_Genome_Tile_rc|1
TGTCCCAAGAGAAATTTCCACCAGAGTTTTATAAGGAAAAAGCTGGCAACGACCGTAAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt0061_Genome_Tile_rc|1
GTACAGATGTCAGGTCCATCTGTCCCAAGAGAAATTTCCACCAGAGTTTTATAAGGAAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt0121_Genome_Tile_rc|1
AAGGAACAACCAAATCAATAAATGGGATACGGAGAGCAGAACTCAGATCCCGAACCGAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt0161_Genome_Tile_rc|1
AATTTTTTCAGCATTTGTAAGAAATTTCAAGCAAAAATTGCAAGGAACAACCAAATCAATA
>HPV63_Mu_9626605_nt0181_Genome_Tile_rc|1
AGTCAAAATAATCAAACAGCAATTTTTTCAGCATTTGTAAGAAATTTCAAGCAAAAATTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt0221_Genome_Tile_rc|1
CAACAAGCAAACACGAAATTATCTCGCCAGATAAGATGCAAGTCAAAATAATCAAACAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt0241_Genome_Tile_rc|1
CATGCCTAGCACAGCACTGACAACAAGCAAACACGAAATTATCTCGCCAGATAAGATGCA
>HPV63_Mu_9626605_nt0261_Genome_Tile_rc|1
CATAAACTCAAGCAGACTAACATGCCTAGCACAGCACTGACAACAAGCAAACACGAAATT
>HPV63_Mu_9626605_nt0321_Genome_Tile_rc|1
AAGAGGTTGATTAAGTAATTCTTCTACTTCAGATACCTCGAAAGACTCCTGATAATAAAG
>HPV63_Mu_9626605_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CACCTTAAACCAATATTTACAAGAGGTTGATTAAGTAATTCTTCTACTTCAGATACCTCG
>HPV63_Mu_9626605_nt0361_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTTTGTGCATGTAACACACCTTAAACCAATATTTACAAGAGGTTGATTAAGTAATT
>HPV63_Mu_9626605_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TCCTTACTTTATGAACTCTTCTCCAGCAGAAACAACAGCTAACTTTTCTGAAACAGTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt0441_Genome_Tile_rc|1
GCACCTTGCTTTGAATTTGTTTCCTTACTTTATGAACTCTTCTCCAGCAGAAACAACAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt0461_Genome_Tile_rc|1
ATGTAGAGTCTGCACAACTGCACCTTTGCTTTGAATTTGTTTCCTTACTTTATGAACTCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt0481_Genome_Tile_rc|1
GAGTCTGCACAACTATATAATGTAGAGTCTGCACAACTGCACCTTTGCTTTGAATTTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt0521_Genome_Tile_rc|1
ACCTATATTTGGCTGCTCTCCACCATTGTTAATTATATAGAGTCTGCACAACTATATA
>HPV63_Mu_9626605_nt0541_Genome_Tile_rc|1

TCTTCTTGACTCACCAAATCACCTATATTTGGCTGCTCTCCCACCATTGTTAATTATATA
>HPV63_Mu_9626605_nt0561_Genome_Tile_rc|1
TTAGATCTAGGACGCTTGGTTCTTCTTGACTCACCAAATCACCTATATTTGGCTGCTCTC
>HPV63_Mu_9626605_nt0581_Genome_Tile_rc|1
AGGTATATCCTCATAACAATTTAGATCTAGGACGCTTGGTTCTTCTTGACTCACCAAATC
>HPV63_Mu_9626605_nt0621_Genome_Tile_rc|1
GCACAATTGCATATGGATATTCAGACTCCTCCTCCTCAGCAGGTATATCCTCATAACAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt0641_Genome_Tile_rc|1
ATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAAATTGCATATGGATATTCAGACTCCTCCTCCTCAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt0661_Genome_Tile_rc|1
CAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAAGCACAAATTGCATATGGATAT
>HPV63_Mu_9626605_nt0681_Genome_Tile_rc|1
GAGTAGACAGGTCAGAAACGCAGGTCAGCCTTAACAGCTGATCGCACAAACCACAAGGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt0801_Genome_Tile_rc|1
AATATAACCAATCATCATTATTTGTACCTCTGTCTGGTCATCTTAGTGTCGTTGGTGTCGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt0841_Genome_Tile_rc|1
ATTCGCTCTCATCATCATCCCGACATTCTGCCTCATCCACAATATACCAATCATCATTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt0881_Genome_Tile_rc|1
CTATTAAACAATGAATTATAGGTGTCCTCCAAATCCTCCAATTGCTCTCATCATCATCC
>HPV63_Mu_9626605_nt0921_Genome_Tile_rc|1
CTGCGTATCGTCTAATAGATCTGATATGTCACTTTCAGATCTATTAAACAATGAATTATA
>HPV63_Mu_9626605_nt0941_Genome_Tile_rc|1
AGGGAATTTCCCTGACTTTGCTGCGTATCGTCTAATAGATCTGATATGTCACTTTCAGAT
>HPV63_Mu_9626605_nt1041_Genome_Tile_rc|1
CTCTGTGGCACTTGCCTGCGGAGGACTGTTTAAGTACTTTTCGTTTTAGGGTATTTAGGTC
>HPV63_Mu_9626605_nt1061_Genome_Tile_rc|1
CTGAGGCTATTGCAGGCAGTCTCTGTGGCACTTGCCTGCGGAGGACTGTTTAAGTACTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt1081_Genome_Tile_rc|1
TTATAGATTCCAATCTGGGACTGAGGCTATTGCAGGCAGTCTCTGTGGCACTTGCCTGCG
>HPV63_Mu_9626605_nt1121_Genome_Tile_rc|1
AATAGTTGCTTTCTTGCCTTTTTTTCCCTCTGCGAAATTGTTATAGATTCCAATCTGGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt1161_Genome_Tile_rc|1
CTGGCATAGCGATAACTCTATGCCACTGTCATTTTGTGTAAATAGTTGCTTTCTTGCCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt1181_Genome_Tile_rc|1
TTAATATTGTCAACTTCATCCTGGCATAGCGATAACTCTATGCCACTGTCATTTTGTGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt1261_Genome_Tile_rc|1
TCAAAATGTCCACTCCTATACAGTCACGCACCCACCTCCCAGAGACTGTACGATGTCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt1281_Genome_Tile_rc|1
AGATCTTGTATTACTGCATTTCAAAATGTCCACTCCTATACAGTCACGCACCCACCTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt1301_Genome_Tile_rc|1
TTAAATTTGGCAAGTAGAGCAGATCTTGTATTACTGCATTTCAAAATGTCCACTCCTATA
>HPV63_Mu_9626605_nt1321_Genome_Tile_rc|1
AACTGACACCTACTGTGTCTTTAAATTTGGCAAGTAGAGCAGATCTTGTATTACTGCATT
>HPV63_Mu_9626605_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TGCTCTGGTGAGGTCAGTAAACTGACACCTACTGTGTCTTTAAATTTGGCAAGTAGAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt1381_Genome_Tile_rc|1
CTATGACCCAGTAACTACAGCATGTCTTGTGTTTTGTATGCTCTGGTGAGGTCAGTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt1401_Genome_Tile_rc|1
AGATGTTACTCCCCACACTGCTATGACCCAGTAACTACAGCATGTCTTGTGTTTTTGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TTCACAACGTCCACAGACGTAGATGTTACTCCCCACACTGCTATGACCCAGTAACTACAG
>HPV63_Mu_9626605_nt1441_Genome_Tile_rc|1
ACTGAACTTGGGAATACAGTTTTTCACAACGTCCACAGACGTAGATGTTACTCCCCACACTG
>HPV63_Mu_9626605_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TTCTACATGCATATAATTACACTGAACTTGGGAATACAGTTTTTCACAACGTCCACAGACGT

>HPV63_Mu_9626605_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TTTTTTTTCAGTTAAACAATGTTCTACATGCATATAATTACACTGAACTTGAATACAGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt1501_Genome_Tile_rc|1
CTAATACAATTAGAACTTATTTTTTTCAGTTAAACAATGTTCTACATGCATATAATTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TATGTAATTACTTTGCACATTCAAACCTGCTAGTTACGAGATTTAACACTGTTTCTCTACT
>HPV63_Mu_9626605_nt1661_Genome_Tile_rc|1
GTATATACAGCTGGAGACATAGATCTCCTATACCAATATAACGCTGCCGCCATACTTCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt1681_Genome_Tile_rc|1
AATCTGGCATTTCTCCCCAGGTATATACAGCTGGAGACATAGATCTCCTATACCAATATA
>HPV63_Mu_9626605_nt1741_Genome_Tile_rc|1
ACAATTCAAAATGCTTTTCTGATGCTAATTGATGATTCACAATGTCTGCTGCGCCATCC
>HPV63_Mu_9626605_nt1941_Genome_Tile_rc|1
TGCTGACATAGACATACTACTCATTTCTGCCCTTTTGTAATGACTAACCATTTCTAGCACA
>HPV63_Mu_9626605_nt1961_Genome_Tile_rc|1
TCCAGTCTTTTATAAATCCATGCTGACATAGACATACTACTCATTTCTGCCCTTTTGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt1981_Genome_Tile_rc|1
CACCACCATTTTCAACTTCCTCCAGTCTTTTATAAATCCATGCTGACATAGACATACTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt2001_Genome_Tile_rc|1
CTTTACAATATGTTTCCAGTCAACCACCATTTTCAACTTCCTCCAGTCTTTTATAAATCCA
>HPV63_Mu_9626605_nt2021_Genome_Tile_rc|1
ACTTCTTGAAACCTCAAGAACTTTACAATATGTTTCCAGTCAACCACCATTTTCAACTTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt2041_Genome_Tile_rc|1
TCATGAAACTTATAAATTCTACTTCTTGAAACCTCAAGAACTTTACAATATGTTTCCAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2061_Genome_Tile_rc|1
TAACAATTCCTTAAATGCTATCATGAAACTTATAAATTCTACTTCTTGAAACCTCAAGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt2101_Genome_Tile_rc|1
GACCATATATTACAAGACAATTTTTCTTTGGTTTACCACCTTAACAATTCCTTAAATGCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt2161_Genome_Tile_rc|1
CTTTTCTTTTAATACTCTCAACAACTCATACAAAACATAGATTTACCAGTATTTGGTG
>HPV63_Mu_9626605_nt2181_Genome_Tile_rc|1
GCTATTTACATAAGATATTACTTTTCTTTTAACTCTCAACAACTCATACAAAACAT
>HPV63_Mu_9626605_nt2261_Genome_Tile_rc|1
TAATCCCATGCTGGTTTTGTTGCATCATCTAATAATGCTATTTTAGTGCTAGCTAGTGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2301_Genome_Tile_rc|1
AGGATTCCCATCTAAAGCATTTCTCAAAAATAAATCAATATAATCCCATGCTGGTTTTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2401_Genome_Tile_rc|1
ACATCCAACATACATCAGCCTTAACATTTTATATTAGAAGTTATCATAAGTGGAGGACATT
>HPV63_Mu_9626605_nt2421_Genome_Tile_rc|1
TGTTATCCTACTATGTAAATACATCCAACATACATCAGCCTTAACATTTATATTAGAAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2481_Genome_Tile_rc|1
TAAGGAAAAATGCCGTTGACCATTTTCATCAAATGGAAAAGGTTGTTTAAATTCAAAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt2641_Genome_Tile_rc|1
TTCAATATCTTTACTGTCTTTCTCATATAGAGTTAGAAGCTGCTCTTGTAGCCAGTCTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt2661_Genome_Tile_rc|1
TTCCACTGCATTATCTGATCTTCAATATCTTTACTGTCTTTCTCATATAGAGTTAGAAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt2701_Genome_Tile_rc|1
TCGGGCATAGTGGAATAACACTTGTTCCTGTCTAAGTAGATTCCACTGCATTATCTGATC
>HPV63_Mu_9626605_nt2721_Genome_Tile_rc|1
AGTCGCATTATTTCCCTTTTTTCGGGCATAGTGGAATAACACTTGTTCCTGTCTAAGTAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ATCCTGGGAAGCTGCAAGGGAAGGCACAACCTGCAGGCCAAGTCGCATTATTTCCCTTTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt2801_Genome_Tile_rc|1
CACTAAGATAAAGAGTCATTTCTATAGCTGTTTTTGTCTTTATCCTGGGAAGCTGCAAGGG
>HPV63_Mu_9626605_nt2821_Genome_Tile_rc|1

ATATTGTGAGTCTCTGAGGCCACTAAGATAAAGAGTCATTTCTATAGCTGTTTTTGCTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt2901_Genome_Tile_rc|1
CCTCCCTTTTGAATGTATGATCTGGTGGTGCTAAAAAGATTTCTCTGCTAGTATCTTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt2921_Genome_Tile_rc|1
AGATTACCTCAATTGTTTGCCTCCCTTTTGAATGTATGATCTGGTGGTGCTAAAAAGA
>HPV63_Mu_9626605_nt2961_Genome_Tile_rc|1
CATACAGTATGTCTGGTGCTATTATTGGGATCCTCATCATAGATTACCTCAATTGTTTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt2981_Genome_Tile_rc|1
TTTGATAATATATATGGCGCCATACAGTATGTCTGGTGCTATTATTGGGATCCTCATCAT
>HPV63_Mu_9626605_nt3061_Genome_Tile_rc|1
TTTGACACCATCATATTCTAAATAAAACACACCATGAACATCTACATCACTAGCTGCTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt3081_Genome_Tile_rc|1
TGAAAGTCAACATAGTAGTTTTTGACACCATCATATTCTAAATAAAACACACCATGAACA
>HPV63_Mu_9626605_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TATATCGATTGGCCTCTTCTTGAAAGTCAACATAGTAGTTTTTGACACCATCATATTCTA
>HPV63_Mu_9626605_nt3121_Genome_Tile_rc|1
AGTATATCGACCTGTTTTGCTATATCGATTGGCCTCTTCTTGAAAGTCAACATAGTAGTT
>HPV63_Mu_9626605_nt3141_Genome_Tile_rc|1
CTTTTACCCTCATATTGAACAGTATATCGACCTGTTTTGCTATATCGATTGGCCTCTTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TAGTGGGGAGCTATTGACAGGAGACATAACATTTGTGAACCTTTACCCTCATATTGAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt3221_Genome_Tile_rc|1
GGGTGGCTGGGTGTTGGTGTCTGTAGGAGACCCAGAAGTCCGTAGTGGGGAGCTATTGACAG
>HPV63_Mu_9626605_nt3241_Genome_Tile_rc|1
AGTTTGGGTGGATTGTCTTGGGTGGCTGGGTGGTGTCTGTAGGAGACCCAGAAGTCCG
>HPV63_Mu_9626605_nt3261_Genome_Tile_rc|1
TTCGTCTCTGCTTTTCTGGCAGTTTGGGTGGATTGTCTTGGGTGGCTGGGTGGTGTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt3301_Genome_Tile_rc|1
CTTGCGAACAGCCGCGATTTTCGGGTGGTGTCTCGACCCCTTCGTCTCTGCTTTTCTGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt3401_Genome_Tile_rc|1
GTTCTCCACTACCGGCAGAGGCTCTGGCCGATTCTCCTTCTCCTCGTCTGAGGGTGGTAT
>HPV63_Mu_9626605_nt3421_Genome_Tile_rc|1
CGGAGAAATGAATGCCACCCGTTCTCCACTACCGGCAGAGGCTCTGGCCGATTCTCCTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt3441_Genome_Tile_rc|1
GTTGATGTTCCAACGTCTCCCGAGAAATGAATGCCACCCGTTCTCCACTACCGGCAGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt3521_Genome_Tile_rc|1
TCAGACAAATTATGGGTGGATCCCGAGCCTCCTGTATAAGTCTTCAAGTCTTGATTGAC
>HPV63_Mu_9626605_nt3561_Genome_Tile_rc|1
ATCCTATACCTTAAGCACTTAAGTTGATTAGGGCCCCCTTCAGACAAATTATGGGTGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt3601_Genome_Tile_rc|1
AGTACTGATACTTTCAAAGTCAGATGAATTTGAAGCTTTAATCCTATACCTTAAGCACTT
>HPV63_Mu_9626605_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TTATGTACCCAATGCCATGTAGTACTGATACTTTCAAAGTCAGATGAATTTGAAGCTTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CTACTCTATCTGTGCATTTATTATGTACCCAATGCCATGTAGTACTGATACTTTCAAAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt3661_Genome_Tile_rc|1
CACCAGCATACGTGCATGACCTACTCTATCTGTGCATTTATTATGTACCCAATGCCATGT
>HPV63_Mu_9626605_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TGTTCTGTTGATATAAAACGCACCAGCATACGTGCATGACCTACTCTATCTGTGCATTTA
>HPV63_Mu_9626605_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TATCTAAAAATCGGTCACGTTGTTCTGTTGATATAAAACGCACCAGCATACGTGCATGAC
>HPV63_Mu_9626605_nt3721_Genome_Tile_rc|1
AGATTTAGGCACCACCACCTTATCTAAAAATCGGTCACGTTGTTCTGTTGATATAAAACG
>HPV63_Mu_9626605_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CAAAATATACCCCAACACCCACCCTTAGGAACCGTCAAATGCCCTAAAAATAACAGAAAC

>HPV63_Mu_9626605_nt3801_Genome_Tile_rc|1
ACGTACTCTTAACATGATTACAAAATATACCCCAACACCCACCCTTAGGAACCGTCAAAT
>HPV63_Mu_9626605_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TGTGGAGCAGCTCGTCGTTTACGTACTCTTAACATGATTACAAAATATACCCCAACACCC
>HPV63_Mu_9626605_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TACAAGCAGGATAAATATCTTGTGGAGCAGCTCGTCGTTTACGTACTCTTAACATGATTA
>HPV63_Mu_9626605_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GGGGCAATTGTTTGCAACCTTACAAGCAGGATAAATATCTTGTGGAGCAGCTCGTCGTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt4041_Genome_Tile_rc|1
AGGTGTACTTCTGCCACCAACTCGCACCCGACCCTGTCCCCTAGAGGTGTATAACCATA
>HPV63_Mu_9626605_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TGAATCTATAGGTAATATATCCCTTGGTCCCTACAGTCTCCACAGGTACTGTTGGTCTTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt4121_Genome_Tile_rc|1
GAGGGCCCTAAAGGATCCAATGAATCTATAGGTAATATATCCCTTGGTCCTACAGTCTCC
>HPV63_Mu_9626605_nt4141_Genome_Tile_rc|1
TATCTTCTAGTTCAATGACTGAGGGCCCTAAAGGATCCAATGAATCTATAGGTAATATAT
>HPV63_Mu_9626605_nt4181_Genome_Tile_rc|1
GGATGCACTTCAGCCACTACTTCCACTGTTGTGGCTGGAATATCTTCTAGTTCAATGACT
>HPV63_Mu_9626605_nt4221_Genome_Tile_rc|1
ATCAGTAGTAGGTGCCGGTATTTGTGGAGTATCAGATATGGGATGCACTTCAGCCACTAC
>HPV63_Mu_9626605_nt4241_Genome_Tile_rc|1
AGAACAGCTGAACTAGATTTCATCAGTAGTAGGTGCCGGTATTTGTGGAGTATCAGATATG
>HPV63_Mu_9626605_nt4261_Genome_Tile_rc|1
GACTTTCTTGTGGAATATGAAGAACAGCTGAACTAGATTTCATCAGTAGTAGGTGCCGGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt4281_Genome_Tile_rc|1
TGTGATTGTACGTGCAGCAGGACTTTCTTGTGGAATATGAAGAACAGCTGAACTAGATTC
>HPV63_Mu_9626605_nt4301_Genome_Tile_rc|1
GGATTATTGTATTGGGAACGTGTGATTGTACGTGCAGCAGGACTTTCTTGTGGAATATGA
>HPV63_Mu_9626605_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ACCTGATGCTATGTCTGCACTAGCTGTGATCCTGAATAAAGGATTATTGTATTGGGAACG
>HPV63_Mu_9626605_nt4361_Genome_Tile_rc|1
TTATCAGATGCTGAAGCTTCACCTGATGCTATGTCTGCACTAGCTGTGATCCTGAATAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TATCTACATCTATAAAAATATTATCAGATGCTGAAGCTTCACCTGATGCTATGTCTGCAC
>HPV63_Mu_9626605_nt4401_Genome_Tile_rc|1
TCCTACTATTTGACCCGGCGTATCTACATCTATAAAAATATTATCAGATGCTGAAGCTTC
>HPV63_Mu_9626605_nt4421_Genome_Tile_rc|1
TTAACTAGTGGTATTTCTTGTCTACTATTTGACCCGGCGTATCTACATCTATAAAAATA
>HPV63_Mu_9626605_nt4461_Genome_Tile_rc|1
TTCAAGCTCACCTTCAGTAGATATAGGTCCCATATCAAATTAAGTAGTGGTATTTCTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt4501_Genome_Tile_rc|1
GTACTTGTGTGGTTCTTGGTGTACTAGTTGTGAACTCAGTTTCAAGCTCACCTTCAGTAG
>HPV63_Mu_9626605_nt4521_Genome_Tile_rc|1
GAAACGTGTAGGCCTTTCCTGTACTTGTGTGGTTCTTGGTGTACTAGTTGTGAACTCAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt4541_Genome_Tile_rc|1
TCATAATAGCGTCTATTATAGAAACGTGTAGGCCTTTCCTGTACTTGTGTGGTTCTTGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt4561_Genome_Tile_rc|1
GTGCAGTAAGTGGCACTTGTTTCATAATAGCGTCTATTATAGAAACGTGTAGGCCTTTCCT
>HPV63_Mu_9626605_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TCAAAAGTAAGTAAGGAAGCAGGCCTTGTGATAAATTCAGGTGCAGTAAGTGGCACTTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt4621_Genome_Tile_rc|1
TCCTTTCAAATGCAGGATTCTCAAAAGTAAGTAAGGAAGCAGGCCTTGTGATAAATTCAG
>HPV63_Mu_9626605_nt4641_Genome_Tile_rc|1
TTCAAAAATCAAAGAAACACTCCTTTCAAATGCAGGATTCTCAAAAGTAAGTAAGGAAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt4661_Genome_Tile_rc|1

AAAATATCTTCTAAATCTTGTTCAAAAATCAAAGAAACACTCCTTTCAAATGCAGGATTC
>HPV63_Mu_9626605_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CGACTGTATGTTGGTCTGCTTAAATAAACAATGTCTCTAAAATCCTGATCAGGAGCATTT
>HPV63_Mu_9626605_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GCATGCGGCCATCAGGGGCACGACTGTATGTTGGTCTGCTTAAATAAACAATGTCTCTAA
>HPV63_Mu_9626605_nt4801_Genome_Tile_rc|1
CACCTATAGTAACACCACTTCTGGTACTTATAGTGGCTCTGCGTCCCAGGCGGCTTAGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GTAACCTCAATGCCATCATTTGAGGAGATAGAGCTAATATCCATATAAAAAGTGTGATTGAG
>HPV63_Mu_9626605_nt4881_Genome_Tile_rc|1
AGAAGCTTCACCCAGTGTTTGTAACTCAATGCCATCATTTGAGGAGATAGAGCTAATATC
>HPV63_Mu_9626605_nt4901_Genome_Tile_rc|1
CTTTGCACCACAGTCTCGCCAGAAGCTTCACCCAGTGTTTGTAACTCAATGCCATCATTT
>HPV63_Mu_9626605_nt4921_Genome_Tile_rc|1
GATCCGATGCAGCAAGAGAACTTTGCACCACAGTCTCGCCAGAAGCTTCACCCAGTGTTT
>HPV63_Mu_9626605_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TGAATGTTCTGCTTCAATAGGATCCGATGCAGCAAGAGAACTTTGCACCACAGTCTCGCC
>HPV63_Mu_9626605_nt4981_Genome_Tile_rc|1
CAATATCATAACTATCTATAGATGGTGCTGGTTCATGAATGAATGTTCTGCTTCAATAG
>HPV63_Mu_9626605_nt5001_Genome_Tile_rc|1
AGTCTCAGACTGAAGTGAAACAATATCATAACTATCTATAGATGGTGCTGGTTCATGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5021_Genome_Tile_rc|1
AACAAATGTTTCATCTGAATAAGTCTCAGACTGAAGTGAAACAATATCATAACTATCTATA
>HPV63_Mu_9626605_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CTACAGGTTTCATACATATCTAACAAATGTTTCATCTGAATAAGTCTCAGACTGAAGTGAAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5061_Genome_Tile_rc|1
TTGTAATTGCAAGGAAGAACCTACAGGTTTCATACATATCTAACAAATGTTTCATCTGAATA
>HPV63_Mu_9626605_nt5081_Genome_Tile_rc|1
CGACCTCTGACGTCTGATATTTGTAATTGCAAGGAAGAACCTACAGGTTTCATACATATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GAATATCAATAACAGTTGGCCGACCTCTGACGTCTGATATTTGTAATTGCAAGGAAGAAC
>HPV63_Mu_9626605_nt5141_Genome_Tile_rc|1
GCATTTATAGGACCTAATGGAGGCCTGCGGGGTCTAAAGGGAATATCAATAACAGTTGGC
>HPV63_Mu_9626605_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GACTATAGATATCAACACCAGCATTTATAGGACCTAATGGAGGCCTGCGGGGTCTAAAGG
>HPV63_Mu_9626605_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TAATTAATGGAATGTCAAGATCAGTAGGATTTATAGTAGGTGATCCAACACTAGCAGTTG
>HPV63_Mu_9626605_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GACGTTTACGCAAACCTTGATGTAAATCATAATCCCCTGTTGAATTATCTAAATGTATAA
>HPV63_Mu_9626605_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TCAAATATGAACTAATTTGCGACGTTTACGCAAACCTTGATGTAAATCATAATCCCCTGT
>HPV63_Mu_9626605_nt5321_Genome_Tile_rc|1
AAACAGCCATCTGTAAAATATCAAATATGAACTAATTTGCGACGTTTACGCAAACCTTGGA
>HPV63_Mu_9626605_nt5341_Genome_Tile_rc|1
CTTATTCTGGGCAGGAAGCCAAACAGCCATCTGTAAAATATCAAATATGAACTAATTTGC
>HPV63_Mu_9626605_nt6841_Genome_Tile_rc|1
GTATATTACAGGCCCGTCGCCTCCGTTTGGCCACAGTAGTATTGGAGGATCTACGTTTTCT
>HPV63_Mu_9626605_nt6861_Genome_Tile_rc|1
ATATAATTCAACATTACATGTATATTACAGGCCCGTCGCCTCCGTTTGGCCACAGTAGTA
>HPV63_Mu_9626605_nt6901_Genome_Tile_rc|1
AAAGTGCAAGTGCCAAAGTCAAGAATTCACAATTCACATTATATAATTCAACATTACAT
>HPV63_Mu_9626605_nt6921_Genome_Tile_rc|1
AGTATCAGTATGCCAAGAATAAAGTGCAAGTGCCAAAGTCAAGAATTCACAATTCACATT
>HPV63_Mu_9626605_nt6941_Genome_Tile_rc|1
CAAGCATTGAACAAGTTTCAAGTATCAGTATGCCAAGAATAAAGTGCAAGTGCCAAAGTC

>HPV63_Mu_9626605_nt6981_Genome_Tile_rc|1
ATAAACGTTTATTAAACAATACTGTACAGGTGTGTAACCTTCAAGCATTGAACAAGTTTCA
>HPV63_Mu_9626605_nt7001_Genome_Tile_rc|1
GACAGGTAAATGACAGCAGCATAAACGTTTATTAAACAATACTGTACAGGTGTGTAACCTT
>HPV63_Mu_9626605_nt7021_Genome_Tile_rc|1
CTAGGCAATAATGACTCGAAGACAGGTAAATGACAGCAGCATAAACGTTTATTAAACAATA
>HPV63_Mu_9626605_nt7041_Genome_Tile_rc|1
CAAGTCATGAGGCTATATGACTAGGCAATAATGACTCGAAGACAGGTAAATGACAGCAGC
>HPV63_Mu_9626605_nt7061_Genome_Tile_rc|1
GCCACATACCAATTGCATGCCAAGTCATGAGGCTATATGACTAGGCAATAATGACTCGAA
>HPV63_Mu_9626605_nt7081_Genome_Tile_rc|1
GTATCCTGTTTGAAGTATCTGCCACATACCAATTGCATGCCAAGTCATGAGGCTATATGA
>HPV63_Mu_9626605_nt7121_Genome_Tile_rc|1
GGTAACTTCAAAATTCGCGCGCGCGCCAAAAAGGATACCAGTATCCTGTTTGAAGTATCT
>HPV63_Mu_9626605_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CGGGATCAGATCCAGACGTCTCAGAACAAGTTGGAACAGTGGTAACTTCAAAATTCGCGC
>HPV63_Mu_9626605_nt7181_Genome_Tile_rc|1
TTGGCAGTAACGACAGCGGTTCGGGATCAGATCCAGACGTCTCAGAACAAGTTGGAACAGT
>HPV63_Mu_9626605_nt7221_Genome_Tile_rc|1
CAGGGAAACCACAAACGGTTCGCGCCTACCACTTTCGTCTTTGGCAGTAACGACAGCGGT
>HPV63_Mu_9626605_nt7241_Genome_Tile_rc|1
TAAAGAGTTTCTGCTAGCCCCAGGGAAACCACAAACGGTTCGCGCCTACCACTTTCGTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt0001_Genome_Tile_rc|1
GTGTGTTTTGTAACGAATTCGTTACAAGAAATAACACGAAAGGGCGATGATTATGATTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt0021_Genome_Tile_rc|1
CTCTATCTTATATACTGTGTGTGTGTTTTGTAACGAATTCGTTACAAGAAATAACACGAA
>HPV41_Nu_9626041_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CACCGCTTGTGATGCCATCTGTGGTGTACCAATCCGTTCTCTATCTTATATACTGTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt0201_Genome_Tile_rc|1
ATCCAATACGCTAAGGATCTTATAGCAATAATGGCAGCAGAGCTGTATGCATGGATAAGT
>HPV41_Nu_9626041_nt0241_Genome_Tile_rc|1
CCCAGGATAAGTACAGACAGCTCTGGTCGAAAGCGTAAATATCCAATACGCTAAGGATCT
>HPV41_Nu_9626041_nt0281_Genome_Tile_rc|1
CTAGTACACTGAGAACAAATACCCGTTGGCCCCCTTCTCCCCAGGATAAGTACAGACAG
>HPV41_Nu_9626041_nt0301_Genome_Tile_rc|1
ACTCCAGCCTTGCAAGCACTCTAGTACACTGAGAACAAATACCCGTTGGCCCCCTTCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt0321_Genome_Tile_rc|1
CACTTCGTGCCGTGCAGTGAAGTCCAGCCTTGCAAGCACTCTAGTACACTGAGAACAAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt0361_Genome_Tile_rc|1
TCTGTCTTATAAAGTGCGGCAGACGGCTGGCTGCACAAGACACTTCGTGCCGTGCAGTGA
>HPV41_Nu_9626041_nt0381_Genome_Tile_rc|1
CACCTCAAGGTCGCTGAGGCTCTGTCTTATAAAGTGCGGCAGACGGCTGGCTGCACAAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt0401_Genome_Tile_rc|1
GCTAGGCACCTCACACACCTCACCTCAAGGTCGCTGAGGCTCTGTCTTATAAAGTGCGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt0461_Genome_Tile_rc|1
ATTCTATGCACAGACAAGTCTTCCCGCAATATGTAATCCTTTTCCACAGATTGTAGAAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt0481_Genome_Tile_rc|1
TTCCCCCTCCAGATCCCGCCAATTCTATGCACAGACAAGTCTTCCCGCAATATGTAATCCT
>HPV41_Nu_9626041_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TACCATACATCGAACACAAGTTCCCTCCAGATCCCGCCAATTCTATGCACAGACAAGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt0541_Genome_Tile_rc|1
TACAGCAAACAGTATATTAGTCTCACAGCTAATACAGTCCTACCATACATCGAACACAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt0561_Genome_Tile_rc|1
GCACGATTACAGCAATACAATACAGCAAACAGTATATTAGTCTCACAGCTAATACAGTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt0581_Genome_Tile_rc|1

TACAGGGTATAGCAATTTACGCACGATTACAGCAATACAATACAGCAAACAGTATATTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt0601_Genome_Tile_rc|1
ACACTATTCCCTCTCATTATTACAGGGTATAGCAATTTACGCACGATTACAGCAATACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt0621_Genome_Tile_rc|1
GCACAATTTCTTGCAGGTCAACACTATTCCCTCTCATTATTACAGGGTATAGCAATTTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt0681_Genome_Tile_rc|1
CATCAGAATGCTCCCCCTGAATGCACTGCAGCATTTCTCAGGTACCTCCCCCTGCTGAACAA
>HPV41_Nu_9626041_nt0761_Genome_Tile_rc|1
CTCTACCAGGTATAATGTTCTCCTGGGTGTGGGGACTTGCTGCACCTGTTCCCGCTCCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt0801_Genome_Tile_rc|1
ATACAAATCGTATGATAGCCTGGCAAAATGGACACTGACTCTCTACCAGGTATAATGTTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt0861_Genome_Tile_rc|1
CAAGGTGACTGTTGACCAGGAGTGCCTGTAGATTCCGTATCCCAGTGTTGCTTGCTACGC
>HPV41_Nu_9626041_nt0901_Genome_Tile_rc|1
TGGACGCCATTCTGCTCGACACAGGCGTGACAAGCGAGGTCAAGGTGACTGTTGACCAGG
>HPV41_Nu_9626041_nt0941_Genome_Tile_rc|1
TTCTCTTTGTTTTCATTGCCATTGCCGGTGTCTGAGACCCTGGACGCCATTCTGCTCGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt1081_Genome_Tile_rc|1
GCACAGAAGCATCATCCACAAGGTCTTCCACCAAGCTATCCTCCATACTTTCCTCATCGT
>HPV41_Nu_9626041_nt1121_Genome_Tile_rc|1
ACAGTTTGGGCATGAAACAGCGACAAGGAATTTCCCTGATGCACAGAAGCATCATCCACA
>HPV41_Nu_9626041_nt1141_Genome_Tile_rc|1
TCTCTCCCTCGTATTCCCTCGACAGTTTGGGCATGAAACAGCGACAAGGAATTTCCCTGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt1161_Genome_Tile_rc|1
CTTTTCGTTTTAGGCTCTGGATCTCTCCCTCGTATTCCTCGACAGTTTGGGCATGAAACAG
>HPV41_Nu_9626041_nt1181_Genome_Tile_rc|1
TGCAAGGGACTCAGGATAAACTTTTCGTTTTAGGCTCTGGATCTCTCCCTCGTATTCCTCG
>HPV41_Nu_9626041_nt1201_Genome_Tile_rc|1
TTAGTTCTGCCACATCCCTATGCAAGGGACTCAGGATAAACTTTTCGTTTTAGGCTCTGGA
>HPV41_Nu_9626041_nt1241_Genome_Tile_rc|1
CCACGGTTTTCTTCCAGGGAAACACCCGCCAGACGCGGGCTTAGTTCTGCCACATCCCTA
>HPV41_Nu_9626041_nt1261_Genome_Tile_rc|1
GAGATTTGCGAGCCTTTTTTCCCACGGTTTTCTTCCAGGGAAACACCCGCCAGACGCGGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt1321_Genome_Tile_rc|1
TACTAGATAGCTGGGAGACTTCCACTGCGCTGCTGTCTATGCCACTGTCATCGTGGAACA
>HPV41_Nu_9626041_nt1361_Genome_Tile_rc|1
GGTTTTAGGCAGCCGGATGTCTGGCCCTGGAGCTGATGGCGTACTAGATAGCTGGGAGACT
>HPV41_Nu_9626041_nt1381_Genome_Tile_rc|1
GCTCTAGATCTATATCTGAGGGTTTAGGCAGCCGGATGTCTGGCCCTGGAGCTGATGGCG
>HPV41_Nu_9626041_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CGTACACAGCTTTAAATTTGCTATACATATGCGTACAGCGCTGGCGGCTTTGGAACAGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TATATCTGTAAAGCTAACCCCGTACACAGCTTTAAATTTGCTATACATATGCGTACAGCG
>HPV41_Nu_9626041_nt1501_Genome_Tile_rc|1
AATGCTGTGATGTTGTTTTGTGCGTTTTGAATGGCCTGGTTATATCTGTAAAGCTAACCC
>HPV41_Nu_9626041_nt1541_Genome_Tile_rc|1
ATCTCACTATCAAAAGCTAAATAGTAGGCGGCCACAACCCAATGCTGTGATGTTGTTTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt1561_Genome_Tile_rc|1
GCAAAACCTCCATAGCACTTATCTCACTATCAAAAGCTAAATAGTAGGCGGCCACAACCC
>HPV41_Nu_9626041_nt1601_Genome_Tile_rc|1
TCATTGTTGTCAATGTATAAAAATTGGCATTGTTGTGCGCAGCAAAACCTCCATAGCACTT
>HPV41_Nu_9626041_nt1621_Genome_Tile_rc|1
GGAAGAACAGTATAATGCCATCATTGTTGTCAATGTATAAAAATTGGCATTGTTGTGCGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt1681_Genome_Tile_rc|1
GGAAATTGGCTGTGAACCAATTGTACACTGTAGTCCTAGATTTCTGCACGTTGTATTCCA

>HPV41_Nu_9626041_nt1701_Genome_Tile_rc|1
CATTCTATTTTCATTATAATGGAAATTGGCTGTGAACCAATTGTACACTGTAGTCCTAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt1721_Genome_Tile_rc|1
GTCCTTGGCGGATTAGCTAGCATTCTATTTTCATTATAATGGAAATTGGCTGTGAACCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt1741_Genome_Tile_rc|1
AAGCAGCAGGCATGTTTCGTGTCTTGGCGGATTAGCTAGCATTCTATTTTCATTATAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt1761_Genome_Tile_rc|1
AAATCTATGATAGAAGAATAAAGCAGCAGGCATGTTTCGTGTCTTGGCGGATTAGCTAG
>HPV41_Nu_9626041_nt1781_Genome_Tile_rc|1
TTTATACCCCTGTACCCATAAATCTATGATAGAAGAATAAAGCAGCAGGCATGTTTCGT
>HPV41_Nu_9626041_nt1801_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGGCATTGCGCCATGTTTTATACCCCTGTACCCATAAATCTATGATAGAAGAATA
>HPV41_Nu_9626041_nt1841_Genome_Tile_rc|1
TCTGTCTGTGATTAGACACCACGCACTGGTTTACAATTATTTCTGGCATTGCGCCATGT
>HPV41_Nu_9626041_nt1861_Genome_Tile_rc|1
TACGTGATAATTCAAAGGTGTCTGTCTGCTGATTAGACACCACGCACTGGTTTACAATTA
>HPV41_Nu_9626041_nt1901_Genome_Tile_rc|1
TGTTTCATCTTGCAGATCGTTGTCCAGTGCCCACTGTACCATACGTGATAATTCAAAGGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt1921_Genome_Tile_rc|1
CATACTCTAAAGCTAACATATGTTTCATCTTGCAGATCGTTGTCCAGTGCCCACTGTACCA
>HPV41_Nu_9626041_nt1941_Genome_Tile_rc|1
ATCACTTTCAGCAAGCAAAGCATACTCTAAAGCTAACATATGTTTCATCTTGCAGATCGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt1961_Genome_Tile_rc|1
AAAAAAGCCCGCGCATTGCCATCACTTTTCAGCAAGCAAAGCATACTCTAAAGCTAACATA
>HPV41_Nu_9626041_nt2001_Genome_Tile_rc|1
GCTACAATTCTTCACTATCATTGGCTGATTATTCTGCTTTAAAAAAGCCCGCGCATTGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt2021_Genome_Tile_rc|1
TTGTAGTGTCTAACCATTATGCTACAATTCTTCACTATCATTGGCTGATTATTCTGCTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt2041_Genome_Tile_rc|1
TTTTTTCGACCGAGCGCTGTCTTGTAGTGTCTAACCATTATGCTACAATTCTTCACTATCA
>HPV41_Nu_9626041_nt2061_Genome_Tile_rc|1
CACATACTGTGAAATAGACATTTTTGCGACCGAGCGCTGTCTTGTAGTGTCTAACCATTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2081_Genome_Tile_rc|1
TGGTCCAGACACCGCTTATTCACATACTGTGAAATAGACATTTTTGCGACCGAGCGCTGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt2101_Genome_Tile_rc|1
TGTTTTTCATCAGCTTCCCATGGTCCAGACACCGCTTATTCACATACTGTGAAATAGACA
>HPV41_Nu_9626041_nt2121_Genome_Tile_rc|1
ATGCACAATTCCCCGCCAGCTGTTTTTCATCAGCTTCCCATGGTCCAGACACCGCTTATT
>HPV41_Nu_9626041_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TGACCTTGATACCTCAGAAAATGCACAATTCCCCGCCAGCTGTTTTTCATCAGCTTCCCCA
>HPV41_Nu_9626041_nt2161_Genome_Tile_rc|1
ACATGAAGGGCAGGAATTCCTGACCTTGATACCTCAGAAAATGCACAATTCCCCGCCAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt2181_Genome_Tile_rc|1
TAGGAAATTGTGCATTTTACACATGAAGGGCAGGAATTCCTGACCTTGATACCTCAGAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2201_Genome_Tile_rc|1
GATTTCTTTGGTCTATGGTGTAGGAAATTGTGCATTTTACACATGAAGGGCAGGAATTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt2381_Genome_Tile_rc|1
TACCTCCAAAACGTGAGGGTCGCATCGTCTATTAGACAGCACCGTGCCCCACGTAATGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt2401_Genome_Tile_rc|1
CCCTCATGTTTTGGTCCGCGTACCTCCAAAACGTGAGGGTCGCATCGTCTATTAGACAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt2441_Genome_Tile_rc|1
TGTTTTGCATCAATGGAAATCTCATATCCATCTAGCAGTGCCCTCATGTTTTGGTCCGCG
>HPV41_Nu_9626041_nt2461_Genome_Tile_rc|1
TAGTTTGCATTTGGGTTTCTGTGTTTGCATCAATGGAAATCTCATATCCATCTAGCAGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt2481_Genome_Tile_rc|1

TATTATTAATGGTGGTGTCTAGTTTGCATTGGGTTTCTGTGTTTTGCATCAATGGAAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2501_Genome_Tile_rc|1
ATAATGTCCTCATTTGTGGTTATTATTAATGGTGGTGTCTAGTTTGCATTGGGTTTCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt2541_Genome_Tile_rc|1
CATTGTTCTGGTTTGCAGATATTTGAATTCATCTAATCGCATAATGTCCTCATTTGTGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt2581_Genome_Tile_rc|1
CATTTCCTTTAAGAGGAAATGGCTTGTTAAAGTACACATACATTGTTCTGGTTTGCAGAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2661_Genome_Tile_rc|1
GTCTTTTAGATTTAGGTGACGCCAAAATTTCCCTAAAAAAGAGTTCCATGTATAACCATC
>HPV41_Nu_9626041_nt2681_Genome_Tile_rc|1
CCATCTGACTCATCCTCAGGGTCTTTTAGATTTAGGTGACGCCAAAATTTCCCTAAAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt2701_Genome_Tile_rc|1
TAATCGTTCCAGGAGTCTCTCCATCTGACTCATCCTCAGGGTCTTTTAGATTTAGGTGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt2721_Genome_Tile_rc|1
ATCTGCTCTTGTATATAGTCTAATCGTTCAGGAGTCTCTCCATCTGACTCATCCTCAGG
>HPV41_Nu_9626041_nt2741_Genome_Tile_rc|1
CTTTCTCATATAGTGTCTAGTATCTGCTCTTGTATATAGTCTAATCGTTCAGGAGTCTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ATCCTCTAGGTCAACACTATCTTTCTCATATAGTGTCTAGTCTGCTCTTGTATATAGTC
>HPV41_Nu_9626041_nt2781_Genome_Tile_rc|1
AGATTCCATAGCCTTATATGATCCTCTAGGTCAACACTATCTTTCTCATATAGTGTCTAGT
>HPV41_Nu_9626041_nt2801_Genome_Tile_rc|1
TTGCATTTTCCCTCCTTAGCAGATTCCATAGCCTTATATGATCCTCTAGGTCAACACTAT
>HPV41_Nu_9626041_nt2821_Genome_Tile_rc|1
CTGTCTGAGTACATACCAGATTGCATTTTCCCTCCTTAGCAGATTCCATAGCCTTATATG
>HPV41_Nu_9626041_nt2861_Genome_Tile_rc|1
TTGCCGGCACCGCTCTGCCGCCGACCCTTGCGTGTCTTCCTGTCTGAGTACATACCAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt2901_Genome_Tile_rc|1
ATTTCTATTGCGAATTTGGCATTGGCTTCCGATACCGTCATTGCCGGCACCGCTCTGCCG
>HPV41_Nu_9626041_nt2921_Genome_Tile_rc|1
GTGATTCTAGCTTTATCTGCATTTCTATTGCGAATTTGGCATTGGCTTCCGATACCGTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt2941_Genome_Tile_rc|1
CGCATAGGGACTGGCCTTTAGTGATTCTAGCTTTATCTGCATTTCTATTGCGAATTTGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt2981_Genome_Tile_rc|1
ACCGTTCCCTTGGTGGTTTCTTGCAATGACCAGCCCTCGGCCGCATAGGGACTGGCCTTTA
>HPV41_Nu_9626041_nt3001_Genome_Tile_rc|1
CCGAGACGGTTCAGCCAAGTACCGTTCCCTTGGTGGTTTCTTGCAATGACCAGCCCTCGGC
>HPV41_Nu_9626041_nt3021_Genome_Tile_rc|1
TGCCCTAATTTCTTAAATGTCCGAGACGGTTCAGCCAAGTACCGTTCCCTTGGTGGTTTCT
>HPV41_Nu_9626041_nt3061_Genome_Tile_rc|1
AAGGTTTTTCGGGATCATTGTCAAACATTAGGGTAACTGGCTGCCCTAATTTCTTAAATGT
>HPV41_Nu_9626041_nt3101_Genome_Tile_rc|1
GTGTAATATAATAAACCCATTTCCACAATACAACCTTCTGTAAGGTTTTTCGGGATCATTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TTTATACCATTCATCTGTTGGTGTAATATAATAAACCCATTTCCACAATACAACCTTCTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TCATCAATGCCACCTCTAGCTTTATACCATTCATCTGTTGGTGTAATATAATAAACCCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt3161_Genome_Tile_rc|1
CAATGTAGTATATACAGTGTCTCATCAATGCCACCTCTAGCTTTATACCATTCATCTGTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt3181_Genome_Tile_rc|1
CATTTTAACAGACTCGTGGTCAATGTAGTATATACAGTGTCTCATCAATGCCACCTCTAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt3201_Genome_Tile_rc|1
ATGTCAAATCTCACATAGTACATTTTAACAGACTCGTGGTCAATGTAGTATATACAGTG
>HPV41_Nu_9626041_nt3221_Genome_Tile_rc|1
CGCTAAAGTTCTCCGCTTCCATGTCAAATCTCACATAGTACATTTTAACAGACTCGTGGT

>HPV41_Nu_9626041_nt3241_Genome_Tile_rc|1
GTAGGTGACAGTGCCTGTCTCGCTAAAGTTCTCCGCTTCCATGTCAAATCTCACATAGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt3301_Genome_Tile_rc|1
GGAGGAGCTGTCGGTAACAGTTACAGGTTACAGGTACATTTACCAGGGCGCTGCCTAGCCG
>HPV41_Nu_9626041_nt3321_Genome_Tile_rc|1
TTTGGGGTTCTCTCCCTCGTGGAGGAGCTGTCGGTAACAGTTACAGGTTACAGGTACATTT
>HPV41_Nu_9626041_nt3361_Genome_Tile_rc|1
CTCGTTTCTGCGTCGTCTCGACCCCTGCGGTCTAGTACCTTTGGGGTTCTCTCCCTCGT
>HPV41_Nu_9626041_nt3401_Genome_Tile_rc|1
GTCTTCGCTTAGGGGCTGGGGCGACCGGCTCCCCGTTTCTCGTTTCTGCGTCGTCTCG
>HPV41_Nu_9626041_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CAGGCGACGCCGCGGTCTGCGTTGGGCCTTCGGGGAGGATCTGCGTCCGTAAGCTCCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt3501_Genome_Tile_rc|1
CCAGAAAGTGAAGTCAGACGATCCTCCGTTTCTCTAGAAACAGGCGACGCCGCGGTCTCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt3581_Genome_Tile_rc|1
AGTGTCTCTTCTGCTGGAGCAACACCCGACAGTTTCTTTTGAAGTGCTCTATGTCTGACTC
>HPV41_Nu_9626041_nt3681_Genome_Tile_rc|1
AAAGTAGTCCCCAGATACATTATGTACCGCTATACTTGTTTTCCATTTGTACCTTAAG
>HPV41_Nu_9626041_nt3701_Genome_Tile_rc|1
CGTCAGACTCCGTCCATGTGAAAGTAGTCCCCAGATACATTATGTACCGCTATACTTGT
>HPV41_Nu_9626041_nt3721_Genome_Tile_rc|1
CGACCCACACCGTTCTGTCCCGTCAGACTCCGTCCATGTGAAAGTAGTCCCCAGATACAT
>HPV41_Nu_9626041_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CTCTTTTTTGTTTTCATTAGAGAAAGCACAAAAAAGCGCCCCGACCCACACCGTTCTGTCC
>HPV41_Nu_9626041_nt3781_Genome_Tile_rc|1
GACAGATTTGAGGAACCTTTTCTCTTTTGTTCATTAGAGAAAGCACAAAAAAGCGCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt3801_Genome_Tile_rc|1
CCAATGTTTTTAGGAATCTTGACAGATTTGAGGAACCTTTTCTCTTTTGTTCATTAGAG
>HPV41_Nu_9626041_nt3841_Genome_Tile_rc|1
ATACACAGGTCACAGCTTTTCTGCGTGTGCGGAAACAGCCCAATGTTTTTAGGAATCTT
>HPV41_Nu_9626041_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CTTATACAGTTGTTTCAGGATTAGCGCGTTTAACCCTTTCCTAGCAAGCATTTGTTTAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt3921_Genome_Tile_rc|1
CCCCCGTTGCTTTGCATGTCTTATACAGTTGTTTCAGGATTAGCGCGTTTAACCCTTTC
>HPV41_Nu_9626041_nt3981_Genome_Tile_rc|1
AATATACTATCAGCAGGTGTAGTTTGCTCATAGCGTTTAATAACATCGGGTGGACAATCG
>HPV41_Nu_9626041_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CCCCTACACTCCCATACTTTAATATACTATCAGCAGGTGTAGTTTGCTCATAGCGTTTAA
>HPV41_Nu_9626041_nt4181_Genome_Tile_rc|1
GTGCCATGGGAAGCAGAGGTATTTCTCTGCCAGTGAAGGCCCCCTGATTCAATTGGCA
>HPV41_Nu_9626041_nt4221_Genome_Tile_rc|1
ACTGACGGCCGAAAGGGATCTGTAGGCCTTGGCACACGGGGTGCCATGGGAAGCAGAGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt4341_Genome_Tile_rc|1
CTAGGAATGGTTGTGATTTCTGTGTTGCCATTGTCAAATGGTGCAGCGTCTGTAGGGAAA
>HPV41_Nu_9626041_nt4361_Genome_Tile_rc|1
CCCCACTAACATCATATTGGCTAGGAATGGTTGTGATTTCTGTGTTGCCATTGTCAAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TATCTGAATGTCAACCCCTCCCCACTAACATCATATTGGCTAGGAATGGTTGTGATTTT
>HPV41_Nu_9626041_nt4401_Genome_Tile_rc|1
TTCACACTAGGGAGTTCAATTATCTGAATGTCAACCCCTCCCCACTAACATCATATTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt4441_Genome_Tile_rc|1
GTTGTATTGTGTGCGGGTAACAACCGAGGGACCGGGGTCATTACACTAGGGAGTTCAAT
>HPV41_Nu_9626041_nt4461_Genome_Tile_rc|1
TCCACCTCAAACGTTGGATTGTTGTATTGTGTGCGGGTAACAACCGAGGGACCGGGGTCA
>HPV41_Nu_9626041_nt4481_Genome_Tile_rc|1

CACTAATGTCAGTGGACACCTCCACCTCAAACGTTGGATTGTTGTATTGTGTGCGGGTAA
>HPV41_Nu_9626041_nt4501_Genome_Tile_rc|1
GTCCGTTGATGAGGTTTCTCCACTAATGTCAGTGGACACCTCCACCTCAAACGTTGGATT
>HPV41_Nu_9626041_nt4541_Genome_Tile_rc|1
CTACGGATGTGCCACCGCTTTCAGCTCCTACAATAATGTTGTCCGTTGATGAGGTTTCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TATCAGTTCAGCATTGTACCTACGGATGTGCCACCGCTTTCAGCTCCTACAATAATGTT
>HPV41_Nu_9626041_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTCAATTGTGTCCCCCGGGATATATCTAGCAAAGGTATCAGTTCAGCATTGTAC
>HPV41_Nu_9626041_nt4621_Genome_Tile_rc|1
CTCGCCAGGGGCAAGTATTGTTGTGTCAATTGTGTCCCCCGGGATATATCTAGCAAAGG
>HPV41_Nu_9626041_nt4661_Genome_Tile_rc|1
GCACACGTTCAAGGAGTGCTGGTCACAAAGGCAGTCTCCTCCTCGCCAGGGGCAAGTATTG
>HPV41_Nu_9626041_nt4681_Genome_Tile_rc|1
AGGTAATCGCTCCTGTATAGGCACACGTTCAAGGAGTGCTGGTCACAAAGGCAGTCTCCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt4721_Genome_Tile_rc|1
TAACTCGCACTTGCTGATACTGTCTGCCATAGGGCCTAATAGGTAATCGCTCCTGTATAG
>HPV41_Nu_9626041_nt4761_Genome_Tile_rc|1
GAGACAAGTACTGCAGCGCTGTCTAAAAATTCAGGGTCGGTAACTCGCACTTGCTGATAC
>HPV41_Nu_9626041_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CAAACACTGGATTCTCTAAAGAGACAAGTACTGCAGCGCTGTCTAAAAATTCAGGGTCGG
>HPV41_Nu_9626041_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GCGACGCACGTCCCGCAGGTCTGTGTCACTACGTAGTGCCTGCTGCAGATCATCCTCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt4881_Genome_Tile_rc|1
TGGTAATAAGGTCTACTGAGGCGACGCACGTCCCGCAGGTCTGTGTCACTACGTAGTGCC
>HPV41_Nu_9626041_nt4941_Genome_Tile_rc|1
GTGGATATAGTACCCCGACGTTGCCCGAGCGACTAACACGAAGGCCAGTAGTGCGCCTC
>HPV41_Nu_9626041_nt4961_Genome_Tile_rc|1
CTACCTGAACACCAGAGCGCGTGGATATAGTACCCCGACGTTGCCCGAGCGACTAACAC
>HPV41_Nu_9626041_nt4981_Genome_Tile_rc|1
GAAAAAATGAGCAGCGGAGCCTACCTGAACACCAGAGCGCGTGGATATAGTACCCCGACG
>HPV41_Nu_9626041_nt5021_Genome_Tile_rc|1
CAATTGGCTCAATAGCCTGGCCGATTGGACTAATGTCCTGGAAAAAATGAGCAGCGGAGC
>HPV41_Nu_9626041_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TACATCTAGTTCAATTGCATCAATTGGCTCAATAGCCTGGCCGATTGGACTAATGTCCTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5081_Genome_Tile_rc|1
CTCCTCTCACAATAGTCCCCTCACCGGATTGCTCACCCAGTACATCTAGTTCAATTGCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5101_Genome_Tile_rc|1
CTCAATAGAAGGCGTAGGGTCTCCTCTCACAATAGTCCCCTCACCGGATTGCTCACCCAG
>HPV41_Nu_9626041_nt5121_Genome_Tile_rc|1
GCGGTTAGTCCATATGTCTTGCTCAATAGAAGGCGTAGGGTCTCCTCTCACAATAGTCCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TTTCAATGTTGTCCCCCAAAGCGGTTAGTCCTATGTCTTGCTCAATAGAAGGCGTAGGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5161_Genome_Tile_rc|1
ATCTATTTCTGCAATTCATTTTCAATGTTGTCCCCCAAAGCGGTTAGTCCTATGTCTTG
>HPV41_Nu_9626041_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TCACCATCCGCAGTTAATAAATCTATTTCTGCAATTCATTTTCAATGTTGTCCCCCAA
>HPV41_Nu_9626041_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CTCTGCCCTCCTGGTCTTCTTCACCATCCGCAGTTAATAAATCTATTTCTGCAATTCAT
>HPV41_Nu_9626041_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TAGGTATAGTCATAATATCAACCACCTCATCATTGCCAGTGGAATAACCAACTGCAGGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GTCATCCCCGCTGCACGTATAGGTATAGTCATAATATCAACCACCTCATCATTGCCAGT
>HPV41_Nu_9626041_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AAAATAAATACTGAAGGCCTGTCATCCCCGCCTGCACGTATAGGTATAGTCATAATATCA

>HPV41_Nu_9626041_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TGTGAGTGCCATCATCGCTAAAAATAAATACTGAAGGCCTGTCATCCCCGCCTGCACGTA
>HPV41_Nu_9626041_nt7041_Genome_Tile_rc|1
ACCAGCAATTCGTTTAAAGCCTTCCGGCGGCGCTTAGTAGGCCGCTGTAGGTAGTAAGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt7061_Genome_Tile_rc|1
CGAGGACACCGCACCACAATACCAGCAATTCGTTTAAAGCCTTCCGGCGGCGCTTAGTAGG
>HPV41_Nu_9626041_nt7141_Genome_Tile_rc|1
GAAATACATGCGAAGTAAATAGATAATGGAGTGGTGTACCCTGGACTGACCAAGTGATTA
>HPV41_Nu_9626041_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CCATACAGGAACATAACAGAGAAATACATGCGAAGTAAATAGATAATGGAGTGGTGTACC
>HPV41_Nu_9626041_nt7201_Genome_Tile_rc|1
GCACAGCGTTACCAACATATTTTATTAACACATTCATAACCCATACAGGAACATAACAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt7221_Genome_Tile_rc|1
ATGAACGTGAACAAACCCGTGCACAGCGTTACCAACATATTTTATTAACACATTCATAAC
>HPV41_Nu_9626041_nt7241_Genome_Tile_rc|1
GGGGTGCCAAATCATGAGACATGAACGTGAACAAACCCGTGCACAGCGTTACCAACATAT
>HPV41_Nu_9626041_nt7281_Genome_Tile_rc|1
GGATTATATCTGCGATCCCCCGGGCGGCGGCGGAATACAGGGGTGCCAAATCATGAGAC
>HPV41_Nu_9626041_nt7301_Genome_Tile_rc|1
TTGGAACGCTTTGGGTTTGGGGATTATATCTGCGATCCCCCGGGCGGCGGGAATACA
>HPV41_Nu_9626041_nt7321_Genome_Tile_rc|1
GCCAGAGACGTTTGCCAATGTTGGAACGCTTTGGGTTTGGGGATTATATCTGCGATCCCC
>HPV41_Nu_9626041_nt7341_Genome_Tile_rc|1
ACCGTTTTCAGTTGTATCGGGGCCAGAGACGTTTGCCAATGTTGGAACGCTTTGGGTTTGG
>HPV41_Nu_9626041_nt7361_Genome_Tile_rc|1
TGGGGCTATTGGCAAGACAGACCGTTTTCAGTTGTATCGGGGCCAGAGACGTTTGCCAATG
>HPV41_Nu_9626041_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TCAGTTGAATCCCCGCCAGATGGGGCTATTGGCAAGACAGACCGTTTTCAGTTGTATCGGG
>HPV41_Nu_9626041_nt7421_Genome_Tile_rc|1
GTTCCAATAACAAAAATGTTACTTGGCAGTACACACCGTTTTCAGTTGAATCCCCGCCAGA
>HPV41_Nu_9626041_nt7481_Genome_Tile_rc|1
GTTTTGGCAATAAACTGTCTTCGCGCCTAAATCCTTGCGCTTCCGCCAGCACCGGAGGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TGTGCAGTCCCATAGGCATTGCTGATTTGCTGAGTTCACAGTTCCTTATATATGTACCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt0621_Genome_Tile_rc|1
CTTGTTCTACAAGTTGCTCCTGCACACCAACACCGTCCCTCTCATCTCTGACTCTGACT
>HPV72_Alpha_1491683_nt1261_Genome_Tile_rc|1
AACGGCGCCGCTCCCCCCTTTGTATGCTGTGTACCCCCGATACCTGGCTTTCTGGTGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt1281_Genome_Tile_rc|1
CGCTCCTCTTCCGCTTCCTGAACGGCGCCGCTCCCCCCTTTGTATGCTGTGTACCCCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt1341_Genome_Tile_rc|1
GCTCTCTCTGGCGTTTGTGTGTCTGTGCACTACACTGCGCCTCACCATCCCCCCCCACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt1381_Genome_Tile_rc|1
ACGCAAACTACTAACCTTAAATATTTCTAGTACGTCTGCTGCTCTCTCTGGCGTTTGCTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt1401_Genome_Tile_rc|1
AATTTATGCAGTAATGTGACACGCAAACTACTAACCTTAAATATTTCTAGTACGTCTGCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt2541_Genome_Tile_rc|1
CTTATGCATAAAATTTAAACAACACTATTCTACTGTGCAAAATATTTAAATGCCTGGTCTTC
>HPV72_Alpha_1491683_nt2581_Genome_Tile_rc|1
TTAGGGTATATACGGGATCACCGTTGCTTTTAAATGGGCACTTATGCATAAAATTTAAACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt3101_Genome_Tile_rc|1
GTTTCGTCTCTGTACTTTGCACATAAAATACACCCCAGCTCACATACTCCACTGCTTTTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt3141_Genome_Tile_rc|1
AGCCCATGATATGACACATGTCCTTGTAATTTATACCACTGTTTCGTCTCTGTACTTTGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt3161_Genome_Tile_rc|1

GACCCTGAAATTCATAATATAGCCCATGATATGACACATGTCCTTGTACTTTATACCACT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TGTTACATAGTACTGTTTCTGACCCTGAAATTCATAATATAGCCCATGATATGACACATG
>HPV72_Alpha_1491683_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGGCTTCGTGTCCAAATGTTACATAGTACTGTTTCTGACCCTGAAATTCATAATAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3521_Genome_Tile_rc|1
CACTGTCACGGTTGACCCACTGGTCAGCACTGTCACGCCGTTGCCTGCAGATGTCTCTTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3541_Genome_Tile_rc|1
CCTTGCTTGTGTGTGCAGTCACTGTCACGGTTGACCCACTGGTCAGCACTGTCACGCCG
>HPV72_Alpha_1491683_nt3561_Genome_Tile_rc|1
CCGTGACTGTTACAGATGTCCCTTGCTTGTGTGTGCAGTCACTGTCACGGTTGACCCAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt3661_Genome_Tile_rc|1
AGAGGATGCTTTTAAAAACAAGTTAGGCACTGACTGCTGAAGCCTATACCGAAAACACTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3741_Genome_Tile_rc|1
GTCCGTTGGTCAGTATCCACATACCACAGTGTACAAATGCACATTTTGTGTGTACCCC
>HPV72_Alpha_1491683_nt3861_Genome_Tile_rc|1
AATGTTGCAGGTGTGGTTCTATACACTGGTTGCCATCGCAACAAACATTATATACACATT
>HPV72_Alpha_1491683_nt3881_Genome_Tile_rc|1
GGATTGCTTCTGCCTTACATAATGTGCAGGTGTGGTTCTATACACTGGTTGCCATCGCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GGGTGGATTATAAGTCACCTATGTACCACATCACCTGCATATATACAAAACAATCCTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AATAGCAGCATGTAATGGCTGGGTGGATTATAAGTCACCTATGTACCACATCACCTGCAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ATTGCCCACTACAACAGGATACATATTACATACAAGATACACAAGGAACACTATTTACAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt4161_Genome_Tile_rc|1
ATTAATGCACCCCCATCCGTATTGCCCACTACAACAGGATACATATTACATACAAGATAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt4181_Genome_Tile_rc|1
AATTATCGTCTCGTAGTACAATTAATGCACCCCCATCCGTATTGCCCACTACAACAGGAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt4221_Genome_Tile_rc|1
ACAATGATTATTAACATACACAAGAAGAACCACAATCCACAATTATCGTCTCGTAGTACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt4241_Genome_Tile_rc|1
GCAACCTATATAGCAACACTACAATGATTATTAACATACACAAGAAGAACCACAATCCAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt4261_Genome_Tile_rc|1
AAAAGGAAGGGATCAGTGTAGCAACCTATATAGCAACACTACAATGATTATTAACATACA
>HPV72_Alpha_1491683_nt4301_Genome_Tile_rc|1
AACAAAACAAAACAAAATAAAAAGGAGGTGGGAATACACAAAAGGAAGGGATCAGTGTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt4321_Genome_Tile_rc|1
GCAAAAAAATAAAAAACAAAACAAAACAAAATAAAAAGGAGGTGGGAATACAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ATAATGTTTATTATAAAAATGCAAAAAAATAAAAACAAAACAAAACAAAATA
>HPV72_Alpha_1491683_nt4361_Genome_Tile_rc|1
AGCTTGGGTCATTTTGGCAGATAATGTTTATTATAAAAATGCAAAAAAATAAAAACAAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt5101_Genome_Tile_rc|1
AGAGACTGGGGTCGAGACAAAAGGCAGGGTTAGTAACCTAACCTGTTGATTAGCCTTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt5381_Genome_Tile_rc|1
CGTAGAGGAGGCCAAGGATTGCATTTCAATAGTATCAGATGAAATGGGGCTAATGTCCTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt5401_Genome_Tile_rc|1
TCATATGTTATGTCTGGCTGCGTAGAGGAGGCCAAGGATTGCATTTCAATAGTATCAGAT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GATGTAGAAGACACAGAAGCACGCGCGGGGTTCCCTAAATCAGGGTCAGCATAAATG
>HPV72_Alpha_1491683_nt5501_Genome_Tile_rc|1
AGAAACAGCAGACGCTGCAGACAGGGACGGGCTGTGCAATGATGTAGAAGACACAGAAGC
>HPV72_Alpha_1491683_nt5561_Genome_Tile_rc|1
AGAGGAGGCAGGGATGTGTGGCCCTAAGGACAAGGGAAGTGTACATTGTCATACTGGC

>HPV72_Alpha_1491683_nt5581_Genome_Tile_rc|1
GACAAATCAATGTCAGGGCCAGAGGAGGCAGGGATGTGTGGCCCTAAGGACAAGGGAACCT
>HPV72_Alpha_1491683_nt5661_Genome_Tile_rc|1
AATCAAAGCCCTCAACATAAATAGAATGTGGATGCGTAGAGGGTACAAGAGGCATTGTAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6181_Genome_Tile_rc|1
TGTAGTCAACAGATACATTGTCCCGACTGTCAGAATTGTCAGCCACAAGTAAGGAAGTGT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6221_Genome_Tile_rc|1
ATGGGAGGCTTGCACCCTATAATAAGCAATTGGGTCTGTTTGTAGTCAACAGATACATTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6241_Genome_Tile_rc|1
CCTTGGTCCAATGCTCACCAATGGGAGGCTTGCACCCTATAATAAGCAATTGGGTCTGTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt6281_Genome_Tile_rc|1
CAGTCAGTTGGCTGAGAATTAGAGCCTGCACAAGGAGTGCCCTTGGTCCAATGCTCACCA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6561_Genome_Tile_rc|1
TTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCACCCATTGTGCCCTGCCTATTAAAAAATG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6581_Genome_Tile_rc|1
CTGTCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTGGTAGTGCCCTACCCATTGTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6601_Genome_Tile_rc|1
TATAACTACCAGGTGTCACCCGTGTCGCTACCCGAGGCACCTTTAAGATATAAACTGGCTG
>HPV72_Alpha_1491683_nt6821_Genome_Tile_rc|1
TACTCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGGACGCTGTGGCAGTACAAATA
>HPV72_Alpha_1491683_nt6841_Genome_Tile_rc|1
ATTCTCAGTGTGGCGAAGATACTCACGAAAATTAGAAGCTGTATATTCTGATACAGAGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt7261_Genome_Tile_rc|1
ACAGTATGACATGTTACTTTTTTGCGCTTTTTTACGTTTAGTAGGGGCGGGGTCGAGGTAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt7301_Genome_Tile_rc|1
ACATGCATGCATTGCACACATACACACATACACCACACAAACAGTATGACATGTTACTTT
>HPV72_Alpha_1491683_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ACAAACAACAACAGAAACACACATGCATGCATTGCACACATACACACATACACCACACAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7401_Genome_Tile_rc|1
ATTCCACATACATACACAACACGGGGGCAGGGGCCATACAAAAACATACAACAACATAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7521_Genome_Tile_rc|1
GTGACACAAAACAAAGTGTAGGAAGTAGGACAACGTGCAAACACACACTTACTCACAGGG
>HPV72_Alpha_1491683_nt7561_Genome_Tile_rc|1
GAGAAAATATAAAATGGAGTACAGTAAAGGCATACAAAGGTGACACAAAACAAAGTGTA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7581_Genome_Tile_rc|1
ACGGTCGCGAATACAAAATGGAGAAAATATAAAATGGAGTACAGTAAAGGGCATACAAAG
>HPV72_Alpha_1491683_nt7681_Genome_Tile_rc|1
TGGATAAGGTTTGTTGAAACAGGATGTGGGAGGAAAGCACAATGCATAGTTTCTATGTAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt7741_Genome_Tile_rc|1
CAGGAAACACATAACTATGGAATGTATGTGCCAGAAACCTGTCAGGCACACCCAGATG
>HPV72_Alpha_1491683_nt7761_Genome_Tile_rc|1
ATATCTATTGTAAAATGAGTCAGGAAACACATAACTATGGAATGTATGTGCCAGAAAC
>HPV72_Alpha_1491683_nt7861_Genome_Tile_rc|1
GCCCATAGTTGCAAGACACATACTTGGCTACAACACCTAGAAAGGTAGCCAAAACAGCAA
>HPV72_Alpha_1491683_nt7881_Genome_Tile_rc|1
AACACGTTTGTAAAGGGCTTGCCCATAGTTGCAAGACACATACTTGGCTACAACACCTAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt0201_Genome_Tile_rc|1
CCATACACTGAATGTGAATAATATCGTAATTCTCTAATTTTAGAAAAAAGGTTAAACAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TAATTTTTTCTAATGTATCTCCATACACTGAATGTGAATAATATCGTAATTCTCTAATTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt0341_Genome_Tile_rc|1
AATAACCAGATATGTGGTGGGAATCGTCGTTTGTCTTTAAGATGTTTATATTTGTCTGCTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt0521_Genome_Tile_rc|1
AGGTGCTCATAACATTGAAGGTCAGCCGAATTTATTTTCAATTTTGGGGTTGCAAATGCAAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt0541_Genome_Tile_rc|1

ATTCTTCCTCTAAGTCACTTAGGTGCTCATAACATTGAAGGTCAGCCGAATTTATTTTCAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt1261_Genome_Tile_rc|1
TACTACTCCCCTACTACATAAACTGCCGCCATGTTCTCTATTTATATTTGTGTTTACGG
>HPV97_Alpha_71726694_nt1281_Genome_Tile_rc|1
ATTACCATCCATACACCCACTACTACTCCCCTACTACATAAACTGCCGCCATGTTCTCT
>HPV97_Alpha_71726694_nt1321_Genome_Tile_rc|1
CTAATTGTGGATTTTTCATTTTCTATATTACTATTATCATGATTACCATCCATACACCCAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TTATTATTTGCCTTTAATAGGTCTTTTAAATTCCTGCAATTACTAATTGTGGATTTTTCATTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt1381_Genome_Tile_rc|1
CAGCTAACATTGCAGCTTTTTTATTATTTGCCTTTAAATAGGTCTTTTAAATTCCTGCAATTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt2461_Genome_Tile_rc|1
GATTAATATTTGAGGTTAATAATATAGGCGGACATTTTAACTGTAGTAATGGCTTGTGCT
>HPV97_Alpha_71726694_nt2481_Genome_Tile_rc|1
CCATCTGTTATCTATAGCTGGATTAATATTTGAGGTTAATAATATAGGCGGACATTTTAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3141_Genome_Tile_rc|1
ATTCCTTCTTTCATATAAATAGAGTCCCCAGTGACTTACACATGCTTCTGTTTATCCCAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt3201_Genome_Tile_rc|1
CACTTATTACTGTTACCATATTTTTTACTTTCATGTTCAAATTGCACATAAAATGTTTTTC
>HPV97_Alpha_71726694_nt3581_Genome_Tile_rc|1
TAGAACTATAGTATTGATTATATTTTTTAAATCGATACCGCAAACATTTTAACTGTTTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TTTTTATTACAGGAATCTGTCCAATGCCAGGTTGATGATATAGAACTATAGTATTGATTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3701_Genome_Tile_rc|1
CACTGTTAGGAATAGGAACACTATCCAAAAATTTGGTTCGTTGATGCTCACTATCATACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt3781_Genome_Tile_rc|1
AAACACAAATGTTAACATTTGTTTACCACATTGTATACAATATACATATTACATTGTCAT
>HPV97_Alpha_71726694_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TATGTGTAATAAAAACATAGGCAATAAAAAAACAATACATATGCTGTAAATGCAGTTAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TGTTATGTATATCTAGCATGTATGTGTAATAAAAACATAGGCAATAAAAAAACAATACA
>HPV97_Alpha_71726694_nt4001_Genome_Tile_rc|1
AATACAGTATATACAAGTAATGTTATGTATATCTAGCATGTATGTGTAATAAAAACATAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CAATACAAAAGATACTGTACAATACAGTATATACAAGTAATGTTATGTATATCTAGCATG
>HPV97_Alpha_71726694_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ACAAGTATAAAAAAATATGCAATACAAAAGATACTGTACAATACAGTATATACAAGTAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt4061_Genome_Tile_rc|1
ACAGTAAACAATAATACAAAACAAGTATAAAAAAATATGCAATACAAAAGATACTGTAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt4081_Genome_Tile_rc|1
GGGATACCATATTTATTACAACAGTAAACAATAATACAAAACAAGTATAAAAAAATATG
>HPV97_Alpha_71726694_nt5141_Genome_Tile_rc|1
GATGTAGTAGGAATGTCAGCATAAACATCAAATAAGTTGCTGTCGCTGTTGCAGAAATT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TAGCAGTAACACTAGTGTGATGTAGTAGGAATGTCAGCATAAACATCAAATAAGTTGC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5181_Genome_Tile_rc|1
AGGGTATGTAAATGCTGTGTTAGCAGTAACACTAGTGTGATGTAGTAGGAATGTCAGC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GATACAGTAGAATAGTATTTAGGGTATGTAAATGCTGTGTTAGCAGTAACACTAGTGTCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TACCATAAGAAGAGACTGACGATACAGTAGAATAGTATTTAGGGTATGTAAATGCTGTGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AGTTAAAGGAACAGTAAGGTTACCATAAGAAGAGACTGACGATACAGTAGAATAGTATTT
>HPV97_Alpha_71726694_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GGTGTATATAAAGGCCATACAGAAGTACTAGAAGGTAATACAATATCTGGGCCTGTATAT

>HPV97_Alpha_71726694_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GTGTCGTGGACGTAGATGTAGGTGTTATAAAAAGGCCATACAGAAGTACTAGAAAGGTAATA
>HPV97_Alpha_71726694_nt5361_Genome_Tile_rc|1
ACCATTTATACCTATATAGTGTGTCGTGGACGTAGATGTAGGTGTTATAAAAAGGCCATAC
>HPV97_Alpha_71726694_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GGCCATAAATAGTAATGCGTACCATTTATACCTATATAGTGTGTCGTGGACGTAGATGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt6961_Genome_Tile_rc|1
ATACTATTTTTTACGACGGACACGTAAACGCTTAGCAGGTTTGGAAGTAGTAGGGGCAGA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7061_Genome_Tile_rc|1
ACATAACACATACAAGGATGTACAACAACATACAAATAACATACATACATGCTAAAATGC
>HPV97_Alpha_71726694_nt7121_Genome_Tile_rc|1
TTTGTTACTCACCAGGGTGCAACCATACAGGAACTACCAAACATATTTTATTTAATACC
>HPV97_Alpha_71726694_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TACCACGAACACAAACACTATTTGTTACTCACCAGGGTGCAACCATACAGGAACTACCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7201_Genome_Tile_rc|1
ATATAAAATGGATGGTACTTTAAAATGTAAAATATAAAAGTAAATAAATTAATACTCA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7221_Genome_Tile_rc|1
CATTAAAATGGAGAATTGTAATATAAAATGGATGGTACTTTAAAATGTAAAATATAAAAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7301_Genome_Tile_rc|1
TGCCAGAATCTACAAAGGTAATGTTTGCAACAGTGCCAGAATGTACAAAGGTAAGCCAAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7341_Genome_Tile_rc|1
GCCAGTACAGTAATGTATTTAAGATTAATGTTTGCAACAGTGCCAGAATCTACAAAGGTA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7401_Genome_Tile_rc|1
TACGTGCCAGTGGTGAAAATATGTATGACTATTGTATGTGAGATTAACATTTGCAATAGT
>HPV97_Alpha_71726694_nt7421_Genome_Tile_rc|1
CGCCAAAGTGTGCGCCAAATACGTGCCAGTGGTGAAAATATGTATGACTATTGTATGTG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7581_Genome_Tile_rc|1
TGGATGTAAAAGTAGTTGCACAGGCCAATAATACAAGTAGTACAAGTACAACTAACAAA
>HPV97_Alpha_71726694_nt7601_Genome_Tile_rc|1
AAGAAGAGTAGACAGATTGTTGGATGTAAAAGTAGTTGCACAGGCCAATAATACAAGTAG
>HPV97_Alpha_71726694_nt7721_Genome_Tile_rc|1
TACACCCATTTTTATATAACATTATTGTTAAAAGTATTAATGAAAAGTATGGGTTGTACT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0041_Genome_Tile_rc|1
CCTTGGTGCAATATATGCATGTAAGCCGTAGATCCTCTAAATCCACGTCGCAGTCTTTGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CACTTCTGATGTTGTAAGCTCCTTGGTGCAATATATGCATGTAAGCCGTAGATCCTCTAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0121_Genome_Tile_rc|1
TACACCATGGGGCAGCTGCCACTTCCACACTATATCCAGTTCCTTTAGTGCAAAGGACAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0141_Genome_Tile_rc|1
CTACTTAAGCACGGTGCACATACACCATGGGGCAGCTGCCACTTCCACACTATATCCAGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0301_Genome_Tile_rc|1
GTATAAATACACCATATAGTCCTTTTCTGGCTGCCTAACGGCTTACAGCATATATAGCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0321_Genome_Tile_rc|1
GATATTTTATGAAATCGCTCGTTAAAATACACCATATAGTCCTTTTCTGGCTGCCTAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TCCAGAACTATATCCTGGATGGTCGGCGTGCAGGCGTGCATATTACCCTGCAGTTGCAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TAATTGGTTCTGGACGTTCTTCCAGAACTATATCCTGGATGGTCGGCGTGCAGGCGTGCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TTCTTCCTCACATTGTAGGCTAATTGGTTCTGGACGTTCTTCCAGAACTATATCCTGGAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0601_Genome_Tile_rc|1
GTCTTAGATGTGCGTCGTCAGACAATACTACTAACCTAACTGCACGATAGCACACACCAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt0621_Genome_Tile_rc|1
CAGCAGCAGCTGTTGTAGATGTCTTAGATGTGCGTCGTCAGACAATACTACTAACCTAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1001_Genome_Tile_rc|1

GGGGACTTAATTCCTTATCTACCCATGACACGCCGGTACTGGATGCCGGGCTATAGGTAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1021_Genome_Tile_rc|1
TAGGTTTATGGCATCCAACCGGGGACTTAATTCCTTATCTACCCATGACACGCCGGTACT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1041_Genome_Tile_rc|1
GCTTTTTCTGTGCCCCCTGTTTAGGTTTATGGCATCCAACCGGGGACTTAATTCCTTATCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1281_Genome_Tile_rc|1
GCCCTTATGTTGCTCGCCTTAAGCAGCTCCAGCACACCTTGCGTTCCTCCTGCGTCTGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1321_Genome_Tile_rc|1
GGATAGTCCAAATAGTTCCTTAAACTTACTCAGTATGGTGGCCCTTATGTTGCTCGCCTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TAGACTTATCACTTTTAAATTGCCTTACAAGGTCATAGTAGGATAGTCCAAATAGTTCCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt1761_Genome_Tile_rc|1
TAGGCCCATTTGACTAATGTTGATAGACTAAACTGGGTTTCCTTCATTGCCCTCCCCTATT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2381_Genome_Tile_rc|1
CTAAGGGGTCCACATTGGTGGTTATCATTAAGGGTGGACATTTTAGTTGTGTTAGGTTTC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2401_Genome_Tile_rc|1
ATATTTTAAATGTATCATCTGCTAAGGGGTCCACATTGGTGGTTATCATTAAGGGTGGACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2481_Genome_Tile_rc|1
TTTAATGTATATACTGGCTCCCCGTTTTCGTTTCATTGGACATTTGTTTAGAAATCTAAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2841_Genome_Tile_rc|1
AGGGTTCATCTTTATATGCACTGGCATTAAACTTTGCAATGACAAATGTATGGTAATGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2961_Genome_Tile_rc|1
CATATTCCATGGCCTTTTGGTCCTCTCCATCGTATTTAACAGTTACTGTATGTCCTTTTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt2981_Genome_Tile_rc|1
GTATATTTTACCCCCAAGAAACATATTCCATGGCCTTTTGGTCCTCTCCATCGTATTTAAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3001_Genome_Tile_rc|1
TCTGTTTCTGGACATTGTATGTATATTTACCCCCAAGAAACATATTCCATGGCCTTTTGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3021_Genome_Tile_rc|1
CGGCCACCTTGTACCACATGTCTGTTTCTGGACATTGTATGTATATTTACCCCCAAGAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3261_Genome_Tile_rc|1
CGGTGCAGGAAGTGGGTGTGGTGGGGTGGTGTAGCCGGTCACCAACTGCAGCAGAGGGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3421_Genome_Tile_rc|1
CGTTCTGTGCCGTCAGGGTTACTGTGGAGCCCCCTGTGGCTACTGTCCACGTGCTTTTGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3441_Genome_Tile_rc|1
AACAATGCGCGATCCCAGATCGTTCTGTGCCGTGAGGGTTACTGTGGAGCCCCCTGTGGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3541_Genome_Tile_rc|1
GCACGTAGGTATAGGTCAGGTACTGTTTCTTAAATCTATATCTAAAACATTTTAGTTTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3681_Genome_Tile_rc|1
GACCTTGCATAGCCTGTATACCCTTTGGTATATGCACACGTGCAAGAAATTGTGCCCCGT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CAAACATTATTTACATTGTATATACACAATACACTGTACCAAATATTACATGTAAGGTGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3781_Genome_Tile_rc|1
GTAGGCTCAGCTATGCAGTACAAACATTATTTACATTGTATATACACAATACACTGTACC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3801_Genome_Tile_rc|1
ATATGTGGCACAGGACTATGGTAGGCTCAGCTATGCAGTACAAACATTATTTACATTGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TTACTATTGCAATGTACAATATATGTGGCACAGGACTATGGTAGGCTCAGCTATGCAGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3841_Genome_Tile_rc|1
ACGTAGTATAATATCCAGGGTTACTATTGCAATGTACAATATATGTGGCACAGGACTATG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TCACTCCACAAACATATAAGACGTAGTATAATATCCAGGGTTACTATTGCAATGTACAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AAATAAGCAGCACAAAGTATATCACTCCACAAACATATAAGACGTAGTATAATATCCAGGG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TACCACAATACTTGCACATAAAGAAGTAGTAACCCTACATACACAATACCCAACAACACA

>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4001_Genome_Tile_rc|1
TGTGTGGTTATAGTCCTATATACCACAATACTTGCACATAAAGAAGTAGTAACCCTACAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TACCACCATGTCGTACCCCCCCCCCGACCGGTACCTCTACGGGGAACATGTGTATAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4121_Genome_Tile_rc|1
CCAACATCATGTCTGTCAAATACCACCATGTCTGTACCCCCCCCCCGACCGGTACCTCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ACAACAATATGCCTAGTAACCCAACATCATGTCTGTCAAATACCACCATGTCTGTACCCCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4241_Genome_Tile_rc|1
CAGTGTAACAAATACAGGTATGGGAATGCACTATAAAAGCATGTTCAATAATGTAGTAGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TATAAAACACAATCCTATAGCAGTGTACCAAATACAGGTATGGGAATGCACTATAAAAGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ATTTATTGTATATATAAAAATATAAAACACAATCCTATAGCAGTGTACCAAATACAGGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4681_Genome_Tile_rc|1
ATCTCAAAGCCATCGGTGCCTGTAAAATTGGGCAAGACAGCCCCTGACTCAACAATGCTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4821_Genome_Tile_rc|1
AAACACTGCCATGCTGCGGGGGCTCAATAATGGAGGGCTCGGTAAATGCAGGATTGCTAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt4941_Genome_Tile_rc|1
GTACTGGGGTACTGCTTATAGGACCAGCGTCCACGTCCCCAGAGGTGGCAAATGTGCTCA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5321_Genome_Tile_rc|1
AGGTAATAATGGCTGCATCTCAATGGATTCTGCAGCCGAAATGGGACTTACATCATGGTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GGCTGTGTAAGGTCAGGGGAAGGTAATAATGGCTGCATCTCAATGGATTCTGCAGCCGAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5361_Genome_Tile_rc|1
CAGCATATATATCATACACAGGCTGTGTAAGGTCAGGGGAAGGTAATAATGGCTGCATCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5521_Genome_Tile_rc|1
GCAGGAACGTCAAACCCCTGAGACAAAGGAACAGTAACATTTGTGTATTGAGACGATACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5541_Genome_Tile_rc|1
CTATGTCAGGCCCTGTAACAGCAGGAACGTCAAACCCCTGAGACAAAGGAACAGTAACAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5561_Genome_Tile_rc|1
ACTAGGGGCAGTGGGAAATGCTATGTCAGGCCCTGTAACAGCAGGAACGTCAAACCCCTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5581_Genome_Tile_rc|1
GAGGGGAATATGGGGGGGACACTAGGGGCAGTGGGAAATGCTATGTCAGGCCCTGTAACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5641_Genome_Tile_rc|1
GTACTAAATAAAAATCCGTACCGTGAATATATATAGCCTGTGGAGGGGCCAAGGGTATAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt5881_Genome_Tile_rc|1
GTTGGCCTTTTTGTTAGCACCATTGACCTGTACAGTATAATAAGGGTGGCCAACTGTAAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6121_Genome_Tile_rc|1
GTCAACATCTGCAGCAACCAATAAGGAAGCATTTTCAGTGTATCCAAACGGTTGTATAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6141_Genome_Tile_rc|1
ACAGATATATTATCCCTACTGTCAACATCTGCAGCAACCAATAAGGAAGCATTTTCAGTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6281_Genome_Tile_rc|1
CAATAGTAGTATTTAGCAACTGCAAAGGTGGGCAATCCCCCTGCTGAGGCACAACACTAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6541_Genome_Tile_rc|1
AGCAGCAGACCCAGGCATATACAAGGTTTTTGGCAGGTCCTCACCCATAACACCCTGCCT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6581_Genome_Tile_rc|1
TTGGGGCATATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATTAGCAGCAGACCCAGGCATAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6601_Genome_Tile_rc|1
AACCATAGACCCACTGGGCGTTGGGGCATATACATAGCTAGTAAGTGTATTTCTGTTATT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6781_Genome_Tile_rc|1
CTTAAAGCGTGTAGAAGTGTATTCTGTGCCAGACTGGGAAGCAGCACAAATGGTAAGGTT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6801_Genome_Tile_rc|1
TCAGTGTGTCTTAAATATTCCTTAAAGCGTGTAGAAGTGTATTCTGTGCCAGACTGGGAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6861_Genome_Tile_rc|1

ATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTTGGAATATAAACTGTAGGTCATATTCC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt6881_Genome_Tile_rc|1
TCATATTGTGTAAATAGGACATTATCTCAGGCGTTAGGTGTATCTTACATAGTTGGAATA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7261_Genome_Tile_rc|1
ACCACATAACATAATATACAAAACCAAATACAGCACACACAACACACAGAGTATAAATTA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ACACTACACAACAGTAGGGATACATACATAAGTTATACAATACATACACACACAGAGGGC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7401_Genome_Tile_rc|1
AATAGGGGTTACATACAGGACACACAGTACATAGGGGTTACATACAGGACACACACTACA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7521_Genome_Tile_rc|1
GGAAATGGCCGAATACATATCTCATAGGGCGCAGCTGGACACAGGGCCACAGTGACACAT
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7541_Genome_Tile_rc|1
AATGGACGCTGGGTGGGAAAGGAAATGGCCGAATACATATCTCATAGGGCGCAGCTGGAC
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7621_Genome_Tile_rc|1
TTACAAGTCTTTGTGTAAAGTGGCATGGCGCCATAACAAAAACAAAAACGCGGGAGACCG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7641_Genome_Tile_rc|1
TACGCAGGAAGTATAAAAGATTACAAGTCTTTGTGTAAAGTGGCATGGCGCCATAACAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7721_Genome_Tile_rc|1
GTACATAAATTGTGCACAGCACAAATGTATTTGTAGCCAAATAAATGTCAGGCACTCCCAG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7741_Genome_Tile_rc|1
TTGCAAAATGAGTAATGAAAGTACATAAATTGTGCACAGCACAAATGTATTTGTAGCCAAA
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7881_Genome_Tile_rc|1
TGGGTATGGCATGAAACATGTTTAAAAGCAATAAAACAAGGGTTACAAGACACATAGTTG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7921_Genome_Tile_rc|1
TAATAATAAGTAAAGAATGACACATAGGGAGCGACCGGTATGGGTATGGCATGAAACATG
>HPVcand89_Alpha_22095322_nt7941_Genome_Tile_rc|1
AGTCTTATGATTGTAATATATAATAATAAGTAAAGAATGACACATAGGGAGCGACCGGTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt0241_Genome_Tile_rc|1
CATGCACAAGCCGCAAATGGAAACGATCCTCGCCACACTATATATAAACTCTTATACTGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt0281_Genome_Tile_rc|1
ATGCCTAAACTGGTTAATCTTTCTTGTATTTCTAAGCAGCATGCACAAGCCGCAAATGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt0441_Genome_Tile_rc|1
AACTGCTGTTTAATTTAATAAATCGTGCCTTCTGCAAAATATGTCTTAGTTTCTCCACTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt0661_Genome_Tile_rc|1
GCTACAACATTTACTACAGGACGTTAGTATTTGGTAGCATTGTAATAGTGTGCTATGTTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt0741_Genome_Tile_rc|1
ACTATATTACAGCGTGCCAGCAGTAGGTCTGTAGGTCGTGAATGTCAGGTCCTGTACAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt2081_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGCTTCCCTCTATTTTTTTTACTTCTATATGTTATCCATTGTTTCATAGACATTTTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt2521_Genome_Tile_rc|1
TTGTTACTCTACTATACAAATATTTATATTTGTCATCTTTGGTAATGTCTACATTAGATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TCCATTTATCTGTGTCAAACACATATATGTATGTCCACGACACATAATCCATTCTATTGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt3161_Genome_Tile_rc|1
TTTTCAAATTTCCATGTATGTAGTACAACCCTTTATAATCTACCATTCCTTTCACCTTTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TTCAAACCTCTATATAATATGTTTTCAAATTTCCATGTATGTAGTACAACCCTTTATAATC
>HPV13_Alpha_85827580_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TCTTTGTTGTTCAATTACATAGGTTAAGGTTACCAGTGCATGTTTTTGTGAATTATTAGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TTATGGTTGCAGGTATTTTTTACAGTGTTTAAAAAGTCTTGTCTTTGTTGTTCAATTTACAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CATAAAACCTAGTTTATGTGTTATGGTTGCAGGTATTTTTTACAGTGTTTAAAAAGTCTTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TGTTACAACAATTGCAATGACATAAAACCTAGTTTATGTGTTATGGTTGCAGGTATTTTTT

>HPV13_Alpha_85827580_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TATTTACATACAATATATGCTGTTACAACAATTGCAATGACATAAAACCTAGTTTATGTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GTATAAATTCCATGTACAATATATACACACACAACAATATTTACATACAATATATGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TAAGTGCAATTACAAGTGGCAGTAATGACTTGCTGGTTTCCTGTGTAGTAACATCCACAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt3961_Genome_Tile_rc|1
GATATCCACAATATTGTTATAATGCTAACTACACACACTGTAAGTGCAATTACAAGTGGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTACACCAAAAACCTCTGATATCCACAATATTGTTATAATGCTAACTACACACACTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt4001_Genome_Tile_rc|1
TAATGTTAGTACTAAAACGTTTGTGTACACCAAAAACCTCTGATATCCACAATATTGTTAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CACAAAAGTATATATAAAATTAATGTTAGTACTAAAACGTTTGTGTACACCAAAAACCTCT
>HPV13_Alpha_85827580_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TTCTTGTGTTTGTAAATATATTGGTGTACACACAACGCAGGAAGAAAGCAAAGAGACAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt4221_Genome_Tile_rc|1
ACAGTAACCCCTAGAATGGCTACAATAAATGATAAAATTAACCATAATAGCAACCATGTGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TCCAGTTCTTATATACAGCAACAGTAACCCCTAGAATGGCTACAATAAATGATAAAATTAA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ATAAAACCACTTATTTACTCCAGCACTGGCAATGCATATGTCCAGTTCTTATATACAGCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4301_Genome_Tile_rc|1
TAAATGAATACACACAAAATATAAAACCACTTATTTACTCCAGCACTGGCAATGCATATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt4561_Genome_Tile_rc|1
GGCCCAGATGATATGGCAGGGCGTGGGGTGGATCCTACTGGTACATAGCCAGTCCTACCG
>HPV13_Alpha_85827580_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GTAGATGGCGATATAAACACGTGTGCACCACTTTCAATAGAAGGTTGAGATTGTGTAATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt4881_Genome_Tile_rc|1
CTGTAGAATGAGGGGAAATAGTAGATGGCGATATAAACACGTGTGCACCACTTTCAATAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt4901_Genome_Tile_rc|1
TGTATCTAAAGGAATGTCTTCTGTAGAATGAGGGGAAATAGTAGATGGCGATATAAACAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt4921_Genome_Tile_rc|1
TCTGAGGAAGATACAATAAATGTATCTAAAGGAATGTCTTCTGTAGAATGAGGGGAAATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5121_Genome_Tile_rc|1
GTTTCATGAATGGTATTGTGGGCAAACCTGCAAACCTTATATCTTCACCTTCATATGTTGGGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt5141_Genome_Tile_rc|1
CATAAATGCCTCATCAGGGGGTTTCATGAATGGTATTGTGGGCAAACCTGCAAACCTTATATC
>HPV13_Alpha_85827580_nt5221_Genome_Tile_rc|1
GACCCCTCTGACCAATTCGACTAAACCTAACAGACCACGCCGTGATGTTATGGCTGGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GAAATATCCTTAAAGAAATGGACCCTTCCACCTATATGCTTGCCGCTTCGAGTATACATA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5581_Genome_Tile_rc|1
AAAATAGGCGTAACAGGATTATAAGGTGTTACTGTAGGTGCAGTTGGGAATGTTATGTCA
>HPV13_Alpha_85827580_nt5881_Genome_Tile_rc|1
ACTGATAACCAGATACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTGTTTCTTAATAGGAAAATAAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt5901_Genome_Tile_rc|1
TACAACTTTAAATACCCTAAACTGATAACCAGATACCTTAGGGACAACAGTTTTGTTTTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt6501_Genome_Tile_rc|1
ATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAGCCTGCCCTGTAAAGAAATGCCTTGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6521_Genome_Tile_rc|1
AGTGTATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTAGTTCACCAACAGAGCCTGCC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6541_Genome_Tile_rc|1
TATAGTAAATACTATTAGAAAGTGATTACTACCCTTAACATATAATTCTGCTGGGATTA
>HPV13_Alpha_85827580_nt6561_Genome_Tile_rc|1

AAGAGAGCCACTGGGAGTATTATAGTAAATACTATTAGAAAGTGTATTACTACCCTTAAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt6741_Genome_Tile_rc|1
TGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGCTGCACACACAGTCATGTTAGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6761_Genome_Tile_rc|1
CGCATGTACTGTTTATATTCTGTGGCCTTATATGTGTCTGAAAGAGATGATGTAGTGGCT
>HPV13_Alpha_85827580_nt6941_Genome_Tile_rc|1
GCCTGAGATTGTACATATCTATATGTGTCTTCCAATGTTCCATTAGGAGGGGAGATAGC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7001_Genome_Tile_rc|1
CTAAGACCCGCATACGGATCCTGTTTTTCTTTATCAGGTGTAGGCTTTTGACACGTTATG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGGTGACCTAGACTGAACGCCTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7161_Genome_Tile_rc|1
ACGTGTAGTAGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGTTTTCTACCTACACGAATAGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7181_Genome_Tile_rc|1
TATTTCTTTTAGCTTTTTTACGTGTAGTAGGTGTGGCAGTAGATGTAGATGCAGCACGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7241_Genome_Tile_rc|1
ACACAACATATATACAGTACAAACAAACGTGACATACATACACAATCATAAAACAACTAT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7281_Genome_Tile_rc|1
ATAAGTAACATGCACATACATAACATTACACATACAGTACACAACATATATACAGTAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ATTAAATTTATTGCATACAAACACACACACACATTCTTTAATAAGTAACATGCACATACA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7401_Genome_Tile_rc|1
TACTGTTATAGTATAGTATACAAAACAACACACGAGACACAACATACCACTTACTCATAG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7421_Genome_Tile_rc|1
AAGTTACAAAATGGTTGCACTACTGTTATAGTATAGTATACAAAACAACACACGAGACAC
>HPV13_Alpha_85827580_nt7541_Genome_Tile_rc|1
TGGATAATTTTGGCAGGCGGTAGGTAAGATTATATAAACAGCGTGCTGCAACAAATCGGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7601_Genome_Tile_rc|1
AGTAAACATATATAACCGCGCCCTAGCAACGCCAGGTGTGTGGGTGATTTTGGCAAGCGG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7621_Genome_Tile_rc|1
TAGAAAGATTAGTAAGATTTAGTAAACATATATAACCGCGCCCTAGCAACGCCAGGTGTG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7641_Genome_Tile_rc|1
TATAAAGGTAAAATGAGTGATAGAAAGATTAGTAAGATTTAGTAAACATATATAACCGCG
>HPV13_Alpha_85827580_nt7661_Genome_Tile_rc|1
TTGAAAAGCAAAAAGTATTGTTATAAAGGTAAAATGAGTGATAGAAAGATTAGTAAGATTT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7681_Genome_Tile_rc|1
TAGTAAGTAGAAAAATGTACTTGAAAAGCAAAAGTATTGTTATAAAGGTAAAATGAGTGA
>HPV13_Alpha_85827580_nt7701_Genome_Tile_rc|1
AAAACCTTTTCAGGCATTGGCTAGTAAGTAGAAAAATGTACTTGAAAAGCAAAAGTATTGT
>HPV13_Alpha_85827580_nt7721_Genome_Tile_rc|1
AATGTAGTGCTGGTAGCCAAAAACCTTTTCAGGCATTGGCTAGTAAGTAGAAAAATGTAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt2421_Genome_Tile_rc|1
ATAAACTTAAACACTGTTATTCTGCTACGTAAATATTTTAGTGACTCGTCTGCCAACGGA
>HPV102_Alpha_71726718_nt2441_Genome_Tile_rc|1
CTGTTACTGGACATTTATTCTATAAACTTAAACACTGTTATTCTGCTACGTAAATATTTTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3021_Genome_Tile_rc|1
CATAATCTATGCGGCCTGGCACTTTATACCATGTGTCTGTGTCTCCTTATTACATATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3401_Genome_Tile_rc|1
AGTGTACCCGTAGAATCCGTGGGTACTAGTGTCCAGCCGCTTTTGATGTTGTTTTTCGGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt3441_Genome_Tile_rc|1
TGTTACTGTCACTGTTGTCCCTTGGGCGTTTTGGGCACTCAGTGTACCCGTAGAATCCGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt3461_Genome_Tile_rc|1
TAAGTGGATTACAGGTGTATTGTTACTGTCACTGTTGTCCCTTGGGCGTTTTGGGCACTC
>HPV102_Alpha_71726718_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TACGTTGTTCTACACTGCTATACCGCAAGGTAACAAAGGTTGCTTTAGTGGCTGTCTCCC

>HPV102_Alpha_71726718_nt3641_Genome_Tile_rc|1
TACCCTACTTAAAAACAGGTTACGTTGTTCTACACTGCTATACCGCAAGGTAACAAAGGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CAGTGCTACTGCAAACACAATTTGTATACACCTATACAATGTAAGTATTACAGCATATATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TGGATTGGTAATATGTGGCTCAGTGCTACTGCAAACACAATTTGTATACACCTATACAATG
>HPV102_Alpha_71726718_nt3821_Genome_Tile_rc|1
CACTTTACCAGGTGTGGGGGTGGATTGGTAATATGTGGCTCAGTGCTACTGCAAACACAAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt3841_Genome_Tile_rc|1
CAGGGTTGTAACCTGTGTGCACACTTTACCAGGTGTGGGGGTGGATTGGTAATATGTGGCT
>HPV102_Alpha_71726718_nt3881_Genome_Tile_rc|1
GTATGTCACACCACCAACATATAAAGCATAAAACAAGATCCAGGGTTGTAACCTGTGTGCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3901_Genome_Tile_rc|1
AAAGCAAACAAGAAGCACAAAGTATGTCACACCACCAACATATAAAGCATAAAACAAGATC
>HPV102_Alpha_71726718_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TAGGTATATAATGCACATAAACACAACAAAGGCAGCACAGGGAGAAAGGTACGAAAGCCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt3981_Genome_Tile_rc|1
AGGTACACTAAAAACAACCCTAGGTATATAATGCACATAAACACAACAAAGGCAGCACAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CACTGGACCACAGTACCTGAAGGTACACTAAAAACAACCCTAGGTATATAATGCACATAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GCTTGCCCCAAAAACAATCACATCATAGGACGCCCCCCCCGTCGTGTTTCCAATGGATAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4181_Genome_Tile_rc|1
GATGATCAAAAATTAAAATTATTAACAGTAATCCAGTATCAGCTTGCCCCAAAAACAATCAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt4221_Genome_Tile_rc|1
ACATGTGCATAAGCCTCATATACAGCAGGATAATAATTATGATGATCAAAAATTAAAATTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4241_Genome_Tile_rc|1
AGGAACACAGTAAGGAGTCTACATGTGCATAAGCCTCATATACAGCAGGATAATAATTAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4261_Genome_Tile_rc|1
AAAATGTATGGGAATACAAAAGGAACACAGTAAGGAGTCTACATGTGCATAAGCCTCATA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4321_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTAATTAAATGTATTTATTAAGTGCTGTGTATAAAACAATACAAAAAGTAATATCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4341_Genome_Tile_rc|1
TCGCCTAACCACAGTGGACATTGTGTAATTAAATGTATTTATTAAGTGCTGTGTATAAAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt4361_Genome_Tile_rc|1
GTTGCGGACGCTCGTTTTCGTCGCCTAACACAGTGGACATTGTGTAATTAAATGTATTT
>HPV102_Alpha_71726718_nt4841_Genome_Tile_rc|1
CCATGTTGTGGAGCCTCAATTATAGAAGGTTCTGTAAACAAGGGATTAGTAAAGCTAGTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CAGATACTTTAACTTGGTCTGTGCGCAGCTGTAAAGGCAATGCGAGGGCCTGCAACAC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5341_Genome_Tile_rc|1
AGGGGCGAAGTTCAATATGCTCTGCACCTGCAATAGGACTAATATCATGGTAAAAATGCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGAAGTTCAATATGCTCTGCACCTGCAATAGGACT
>HPV102_Alpha_71726718_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TATAAGGAGTCCCCTGGGGCAGTAGCAATGGAAGGCTGCAAGGGGCGAAGTTCAATATGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGCCATTATCAGCATAAATATCA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AAGGAACAGACGTGGAAGAAGTATATGAAACATGTGGAGACGCCAAGGAGTCCAAGTGGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GCAGAGACCACAGATGTAGCTGAAATATTTGTAGATTGCAAAGGAACAGACGTGGAAGAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5561_Genome_Tile_rc|1
CCTGTATATGCAGGCAATCAAACCCAGAAGAGAGTGGTACTGTGACATTGTCATACCGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt5581_Genome_Tile_rc|1

TGGCAATTGGAATGTCAGGGCCTGTATATGCAGGCAAATCAAACCCAGAAGAGAGTGGTA
>HPV102_Alpha_71726718_nt5621_Genome_Tile_rc|1
TTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTAGTAGGAGTGGCAATTGGAATGTCAGGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5641_Genome_Tile_rc|1
ACACAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGACTGGGAAACATGCAGCACACTGGTAGTAGGAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5661_Genome_Tile_rc|1
ATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAACATTAGAGGACTGGGAAACATG
>HPV102_Alpha_71726718_nt5681_Genome_Tile_rc|1
AAGTAATTAGGCAATAAAAAATAGTCTGTACCATCCACAAACACAGATTGGGAAGGAACA
>HPV102_Alpha_71726718_nt6181_Genome_Tile_rc|1
TTTGTAATCTACAGAAACATTGTCCCGTCTATCGGCGTCTGCTGCAGCAAGTAATGGGGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6221_Genome_Tile_rc|1
CAATAGGGGGTTTACACCCAATAATAAGTAGTTGGGTTTGTGTTGTAATCTACAGAAACAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt6581_Genome_Tile_rc|1
GTCTATTATTTCCAGAGGTGCCAGGTATGTAATAGGAGGCAGGGAGTTCCTCGCCCATGG
>HPV102_Alpha_71726718_nt6601_Genome_Tile_rc|1
TACATAACTGGTAGGAGTTTGTCTATTATTTCCAGAGGTGCCAGGTATGTAATAGGAGGC
>HPV102_Alpha_71726718_nt7301_Genome_Tile_rc|1
CACATAGGCAACATATGTATACACACACATACACAACACACACGTACAACACATAAGTAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt7341_Genome_Tile_rc|1
ACACAAACATGTAACAAACAAACATGCATACATACACGAACACATAGGCAACATATGTAT
>HPV102_Alpha_71726718_nt7361_Genome_Tile_rc|1
CAAATACATACATAGAACACACAAACATGTAACAAACAAACATGCATACATACACGAA
>HPV102_Alpha_71726718_nt7501_Genome_Tile_rc|1
CACAAAAGGAACTGGTACATAAGGGGTCAGGAACTGTAAGGCGGTGCAGGACGTGTGGAG
>HPV102_Alpha_71726718_nt7641_Genome_Tile_rc|1
ATGCAGGATATGCGTAAGACAGGATTACTTACTATTGTGTGTTGTGGCAGCATGCCACTG
>HPV102_Alpha_71726718_nt7661_Genome_Tile_rc|1
GTGGAACATTGGCACAATGTATGCAGGATATGCGTAAGACAGGATTACTTACTATTGTGT
>HPV102_Alpha_71726718_nt7741_Genome_Tile_rc|1
GCAGGATGAGTATGAGTAAAACATAAATATTGTCTGGCAACCACGTTGTGCAGCCAACAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt0001_Genome_Tile_rc|1
GTCTCCGTTGGTCATGGCTATTTTGTGCTGAAGCAACATATCTCTTTTATATGTACCCAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt0021_Genome_Tile_rc|1
AAGATATTCTTTGGACAGCAGTCTCCGTTGGTCATGGCTATTTTGTGCTGAAGCAACATA
>HPV106_Alpha_71726710_nt0041_Genome_Tile_rc|1
GATAGGCTTTGCACAATAGGAAGATATTCTTTGGACAGCAGTCTCCGTTGGTCATGGCTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt2341_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGTCTATGCATACCTGGTTTCCGTCCAGCGGTTTCGTAGGTATGTATCTATGTAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3561_Genome_Tile_rc|1
AAATAATACAGGTGTATGCTTTTTTAGTCTATATCTTAAACACTTTAACTTATTTGGATC
>HPV106_Alpha_71726710_nt3681_Genome_Tile_rc|1
CACCGTAGCTAAGAACTTTGCTCTTTGCTCTACACTATCATGCCACAATGTTACAAAGGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt3701_Genome_Tile_rc|1
ACAATGTCTTAGGCAGAGTCACCGTAGCTAAGAACTTTGCTCTTTGCTCTACACTATCA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TCATGTACCCAGGTACAGCCACAATGTCCTTAGGCAGAGTCACCGTAGCTAAGAACTTTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt3761_Genome_Tile_rc|1
AAGTATACAATATACAGGCCACTATTATGCAAACATAGTCATGTACCCAGGTACAGCC
>HPV106_Alpha_71726710_nt3801_Genome_Tile_rc|1
CCTTAATGTTCCGCACTGTACAATGGGTATACAAATATACAAGTATACAATATACACAGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt3841_Genome_Tile_rc|1
AAAAATCTCCAGGGTGTAGTATACACACGTGCCTACGTGCCCTTAATGTTCCGCACTGTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3861_Genome_Tile_rc|1
CAAACAGATAGCCAGCAAATAAAAAATCTCCAGGGTGTAGTATACACACGTGCCTACGTGC

>HPV106_Alpha_71726710_nt3901_Genome_Tile_rc|1
AGAAAGCCAGAAACAAATAAGCAATAGCAGCAGGTGTGTCCAAACAGATAGCCAGCAAAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt3941_Genome_Tile_rc|1
GCAAAAAAAAAACAAGAAATGCAGTAAAGCAGGACAGCATAGAAAGCCAGAAACAAATAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TTAGAAGGGCTATATACACAGCAAAAAAAAAACAAGAAATGCAGTAAAGCAGGACAGCAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CCCCTTATCACGCACCACTACAGGATACATAGTTGCACACTATGACACACAGGGAATATA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4121_Genome_Tile_rc|1
GCAGGATATTCTGTATCACCCCCCTTATCACGCACCACTACAGGATACATAGTTGCACAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt4141_Genome_Tile_rc|1
CTTGGGGTGTCCACAGTACAGCAGGATATTCTGTATCACCCCCCTTATCACGCACCACTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CAATAACAACAGTTTGTTCATCTTGGGGTGTCCACAGTACAGCAGGATATTCTGTATCACC
>HPV106_Alpha_71726710_nt4181_Genome_Tile_rc|1
AGACAAACTAACACCAGCAGCAATAACAACAGTTTGTTCATCTTGGGGTGTCCACAGTACA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4241_Genome_Tile_rc|1
CATGTACATACAAAAGGTAAAACTACTGCAACAAACGAAGGTAACATAAAAAACACCAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4261_Genome_Tile_rc|1
ATATAAAACCCACCCTAGTACATGTACATACAAAAGGTAAAACTACTGCAACAAACGAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ATAACCCACACACCCAATAATATAAAACCCACCCTAGTACATGTACATACAAAAGGTAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4301_Genome_Tile_rc|1
AAACCACAAAAATATGTAAATATAACCCACACACCCAATAATATAAAACCCACCCTAGTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt4681_Genome_Tile_rc|1
AGGCAACAATACTGGAATCCTCCACTAAGGTGACAATGGACGGTTCAGACGCCCAATTG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5361_Genome_Tile_rc|1
GTCAGACACCAGAGGTTGCATTTCTAACTCTTCAGCAGGAGTAATTGGACTTATATCATG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GAAGCTAAGGTGCCCTGACGCGACCCAGGCGTCTCGGTGTCAGCATAAATATCATATAAG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AAGGTGTGGATGTGTGTATAGAAGCTAAGGTGCCCTGACGCGACCCAGGCGTCTCGGTGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GTGGAGACAGTGGATGATGCAGCCAATGAAGGCGCCTGCAAAGGTGTGGATGTGTGTATA
>HPV106_Alpha_71726710_nt5541_Genome_Tile_rc|1
ATCAAAGCTTGTTAGACAGGGGAACAGTAGTGTGCGATACTGTGGAGACAGTGGATGATGC
>HPV106_Alpha_71726710_nt5581_Genome_Tile_rc|1
AATCGGGAAGAGCACTGTCAGGGCCACTAAAAACAGGGACATCAAAGCTTGTTAGACAGGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5681_Genome_Tile_rc|1
AACACATATGAGGGCAATAAATAATATGTAGACCCGTGCACAAGCACATCGCCTGTGGGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt5901_Genome_Tile_rc|1
GGGTTCCGTCCACTTTGCTTTTTTGATAGGATAATATGGATGACCTACGGTCAGCAATCGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt6301_Genome_Tile_rc|1
AGATGTGAGTTCCAAAGGAGGACAATCCCTGCAGTGACATTGGAGGTATTGCATGGAGT
>HPV106_Alpha_71726710_nt6601_Genome_Tile_rc|1
TAGTGAGCTTGTAGCAGAGGCGCGGGATGTAGTAGTAGGCCCTTTAGTAAAAACCCTTC
>HPV106_Alpha_71726710_nt7061_Genome_Tile_rc|1
GCCCATCGTAAGGGTCCTTTTCTTTGTCAGGCGCCGCGGAGGGCTTTTGACATGTTATGG
>HPV106_Alpha_71726710_nt7241_Genome_Tile_rc|1
AGGAACGCTTGACCGTTTACGCTTTGTGGCTGGTGGGGTGGACGATGGTGCAGGACGCT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7281_Genome_Tile_rc|1
ACAACAACAGGTACACCCAACCCACAGCAGCAACACAGTTAGGAACGCTTGGACCGTTTA
>HPV106_Alpha_71726710_nt7321_Genome_Tile_rc|1
AACCAACGTACATACATGCAGTACAACACACATTATATACACAACAACAGGTACACCCAA
>HPV106_Alpha_71726710_nt7341_Genome_Tile_rc|1

CACACAGTCACAGCACATACAACCAACGTACATACATGCAGTACAACACACATTATATAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt7361_Genome_Tile_rc|1
GGGGGGTCCCGCCCCATACACACACAGTCACAGCACATACAACCAACGTACATACATGCA
>HPV106_Alpha_71726710_nt7381_Genome_Tile_rc|1
CAGGAAACATACATACCAGGGGGGGTCCCGCCCCATACACACACAGTCACAGCACATAC
>HPV106_Alpha_71726710_nt7761_Genome_Tile_rc|1
CCTAAAAGTATAGTTTATTGAAGTGTGAGTAACATAGACAATATAGATTAAGAAATGCAT
>HPV106_Alpha_71726710_nt7881_Genome_Tile_rc|1
GTGTGGTAAACACATGTTTGAATTTGTTGAACAATTATATAAGACACATTGTTGAATAGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt0441_Genome_Tile_rc|1
GGCTTTGGTCCATGCATAGTTACTTAAACTTGTGTTTCTTGACGTATGCGTCTGCGGTCC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1081_Genome_Tile_rc|1
TAATTCCTGTAATGGCGACTTTGCTAAAGGACTGCTTTCTATACTGTCTGTATACTTTTCG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1101_Genome_Tile_rc|1
GTACTGCTTACATTTAGTGATAATTCCTGTAATGGCGACTTTGCTAAAGGACTGCTTTCT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TTATTGTTACATTGTAATAATACTTTAAGTTGGGTAGTAGGTGATTTAGGATCCTGGTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1361_Genome_Tile_rc|1
CTGTTAACATTGCAGCCTTTTTATTGTTACATTGTAATAATACTTTAAGTTGGGTAGTAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1521_Genome_Tile_rc|1
TGGGTATACAATGCATATTGTTTAATTAGTGTTTTAAACCTTCCGCAATGGTTGGATTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1541_Genome_Tile_rc|1
TTGTATCTAAACATTGTATATGGGTATACAATGCATATTGTTTAATTAGTGTTTTAAACC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt1561_Genome_Tile_rc|1
TAGTATTAATATTCCAGTTTTTGTATCTAAACATTGTATATGGGTATACAATGCATATTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3041_Genome_Tile_rc|1
GTAAATTGTACCCACACTACATAATGCATTGAGTTACTCTTGTCCTCCCATCATACCATAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3141_Genome_Tile_rc|1
ACCTTTTCGTAATAGTTTTTTGTTGTTTCATACATATAATATACACCCAGTAATCCACAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3381_Genome_Tile_rc|1
GCTCAGTGATTCCGCACTGTCTGGGATACTCCGAGACGACGTCGAGTTGTTTTTTTGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3581_Genome_Tile_rc|1
TGTACATGATATATTGTCATACAAAGCGTTATGTTTTTGCAACCTATACCTAAGACATTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3601_Genome_Tile_rc|1
CTACCCCTTATCCAATGCCATGTACATGATATATTGTCATACAAAGCGTTATGTTTTTGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3741_Genome_Tile_rc|1
GTGGGTCAATACACACTTATAATGTCATATACCCCAATGACACAGTTACACTAGATGGTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3761_Genome_Tile_rc|1
ATATACATATAGTGTACAGTGTGGGTCAATACACACTTATAATGTCATATACCCCAATGA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3941_Genome_Tile_rc|1
AAAAAAAAGTAGGTATACAGCAAACACCTCAAATGGTGTAGTTCTAACTAATATAAACAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3961_Genome_Tile_rc|1
AATAACCACATAGGCAGTATAAAAAAAGTAGGTATACAGCAAACACCTCAAATGGTGTA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TATTAAGAGTAAGACTGTGTAATAACCACATAGGCAGTATAAAAAAAGTAGGTATACAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CTATAACAGTTACTGTATAGTATTAAGAGTAAGACTGTGTAATAACCACATAGGCAGTAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AACAACAATACAAATGCACACTATAACAGTTACTGTATAGTATTAAGAGTAAGACTGTGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4041_Genome_Tile_rc|1
CATATTTATTTATACAAATAACAACAATACAAATGCACACTATAACAGTTACTGTATAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4061_Genome_Tile_rc|1
CTGGCAGCACGGTGTGAAACCATATTTATTTATACAAATAAACAACAATACAAATGCACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4561_Genome_Tile_rc|1
CACCTGTTTGTGGCACTTCTATTATAGTCGGGTCTGTAAATGCAGGGTTAGTAAACTAG

>HPV68a_Alpha_71726685_nt4581_Genome_Tile_rc|1
AAACACATTACCAGACACCTCACCTGTTTGTGGCACTTCTATTATAGTCGGGTCTGTAAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt4961_Genome_Tile_rc|1
CGTGTAACATGGTCGCCTTTTTGCCTACTCTGCTAAAACGTACTGTTCCCTCTTCGGGAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CTCAGGGGCAACCAATGGTTGTAGTTCAATGCTGTCAGCAGGGGTAATGTTACTAATATC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5081_Genome_Tile_rc|1
TTATCCATAGGGTCCGCCTGCTCAGGGGCAACCAATGGTTGTAGTTCAATGCTGTCAGCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GTGCATATATATCATATAAGTTATCCATAGGGTCCGCCTGCTCAGGGGCAACCAATGGTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5121_Genome_Tile_rc|1
TGTAGTATTGTCAGTATCAGGTGCATATATATCATATAAGTTATCCATAGGGTCCGCCTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TGAAATGCAGTATCTAATACTGTAGTATTGTCAGTATCAGGTGCATATATATCATATAAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GAGTAGTAAATGTAGCATTATGAAATGCAGTATCTAATACTGTAGTATTGTCAGTATCAG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5181_Genome_Tile_rc|1
AGGAACTGATATGTGGGAACGAGTAGTAAATGTAGCATTATGAAATGCAGTATCTAATAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GATGCAGCAGAAGCCAATGAAGGAAGTATGTGGGAACGAGTAGTAAATGTAGCATTAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TAGTATTAGTATATGTAGTGGATGCAGCAGAAGCCAATGAAGGAAGTATGTGGGAAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GTATTTACAGCGTGTTCGAAGCAGTACCAAGAGGAATGGTAGTATTAGTATATGTAGTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GGAGTAGAGGGTGTAAAGGCAACTGTGGGGTGTAGATGGTAATACAACATCAGGACCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5341_Genome_Tile_rc|1
TGGCAAAGGTTGTATCAATTGGAGTAGAGGGTGTAAAGGCAACTGTGGGGTGTAGATG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt5361_Genome_Tile_rc|1
ATTGGAACCATATATAGTTATGGCAAAGGTTGTATCAATTGGAGTAGAGGGTGTAAAGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6001_Genome_Tile_rc|1
TACCAATTCCAATGGGGGACAGTCCCCTGTTGTACATTGGTAGGCTTACAAGATTTACC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6261_Genome_Tile_rc|1
TTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCCCTACCATGCCTCCCCTATTCCAAAAATGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6281_Genome_Tile_rc|1
TTTCACGAATGTCAGTGCCCTTAATATACATGTCAGTGGGAATAGTGTCCCCTACCATGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6301_Genome_Tile_rc|1
ATACACATAACTACTAGGAGTTTCACGAATGTCAGTGCCCTTAATATACATGTCAGTGGG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6501_Genome_Tile_rc|1
GAATCATACACAGCTGGTACAGTAGAGTCTGTAGTAGTGGACAATGTAAAAATTAGTACTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6721_Genome_Tile_rc|1
CTTTTGACATGTAATTGCTGCTGATTGTAGGTAGCGGTATGTATCTACAAGACTAGCAGA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6821_Genome_Tile_rc|1
ATGGGAATTGGTCCAGTTCAGAACTAAACTTTTCCTTTAAATCCACATTCCAAAAGTTAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6841_Genome_Tile_rc|1
TAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTCCAGTTCAGAACTAAACTTTTCCTTTAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt6861_Genome_Tile_rc|1
CGTCTGCGAACACCTGCCTGTAACAGAAATTTGCGTCCTAATGGGAATTGGTCCAGTTCA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7001_Genome_Tile_rc|1
ATGACACATATACAACCACACAGACAAACAACATACAAAACAAGACATATAACAATTATT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7021_Genome_Tile_rc|1
CACAAACATACCAACACCAACATGACACATATACAACCACACAGACAAACAACATACAAAA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7161_Genome_Tile_rc|1
ATTATATGTAAAAACAAGGACATATGTTAGTCACAGGGTGCAACCACAAAGGACACGGACA
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7261_Genome_Tile_rc|1

AAATGGCCACACGGTATAGTTTGCACCATAAATATATTGCATATAATGTAACACACCTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7281_Genome_Tile_rc|1
GCACACAACCCGGCCATACAAAATGGCCACACGGTATAGTTTGCACCATAAATATATTG
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7361_Genome_Tile_rc|1
AAGGTAAACATGTTTTTGTCTGAAACACATAGGTTTTAATACTATCTAAAAGCAAATAGT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7381_Genome_Tile_rc|1
GCCAACTATGTGGGTAACCTCAAGGTAAAACATGTTTTTGTCTGAAACACATAGGTTTTAAT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7401_Genome_Tile_rc|1
CCAGTACGACTGTTACTGGTGCCAACCTATGTGGGTAACCTCAAGGTAAAACATGTTTTTGC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7541_Genome_Tile_rc|1
TGGCCAACCTATGCTATTAGGCAAGCAAAAACAGTTAAAACCTTTATGCCTAAAAGCAGTTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7601_Genome_Tile_rc|1
TATTAGTCACTGTATAACTTACACTACCAGACAGATTCTTGAATGCAAAAAGTAGTTATAC
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7621_Genome_Tile_rc|1
GCACAAATTTATGGATGTAGTATTAGTCACTGTATAACTTACACTACCAGACAGATTCTT
>HPV68a_Alpha_71726685_nt7681_Genome_Tile_rc|1
GAATAATTGTAAAATGTTATAAGTAAAAGTATTGGTATGTGTGCCCAACCTTTTTCGGTT
>HPV80_Beta_2911565_nt0281_Genome_Tile_rc|1
CAAACATTTGCGATCAAAACTTACTAACTCTATATAAGTTAAAAATCTTTGACAAAACCT
>HPV80_Beta_2911565_nt0421_Genome_Tile_rc|1
ACAGCTTTTCGCTCAACTACCTCAATCTCCCAACACACACTGACTGTTTCATAAAATGTA
>HPV80_Beta_2911565_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TTTCTTTTAAACAAAATTTGCAACGAATAGTAATGTCTCCAACAGCTTTTCGCTCAACTAC
>HPV80_Beta_2911565_nt1481_Genome_Tile_rc|1
AATTAAAAAGTTGTTTGGAACTTTCTAATAGTTCGTCTTGACAGCATACACAGTTAATAC
>HPV80_Beta_2911565_nt1641_Genome_Tile_rc|1
TTCTAAGTTTGGCGGTTTCAGCTATTATTTGTACTTCTGATACTTGCAAAAAGATTAGTTA
>HPV80_Beta_2911565_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CGCATTTAAAAACTGAATAAAATTAATCTCTTGATATCTAATAAACTTTACAATATCTGA
>HPV80_Beta_2911565_nt2101_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTAAAAACAATTTAAACGCATTTAAAAACTGAATAAAATTAATCTCTTGATATCTA
>HPV80_Beta_2911565_nt2121_Genome_Tile_rc|1
AGCAGCTTTTCTTTGGAGTATTGTGTAAAAACAATTTAAACGCATTTAAAAACTGAATAA
>HPV80_Beta_2911565_nt3041_Genome_Tile_rc|1
ACTTTCTTCCATGTATCATCTAAAGTCTGATAATAAATGTGGGACCAGACAGTATAAACC
>HPV80_Beta_2911565_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TATGTTAATAAAAAGCTGTCTCTCAGTGTTTGAAGTAAATGCAAGTAACATCCGTGAACG
>HPV80_Beta_2911565_nt4021_Genome_Tile_rc|1
GCAAAAAGCAAAAATAGCGCTTGTTAGTTAATTACAGGCACATGGGCTACAAATCATCTA
>HPV80_Beta_2911565_nt4881_Genome_Tile_rc|1
ACTTGTTTCAGTTAATCTTCGGTTATATAAAGCTCTTCGAAGACTTGAAAAGAGACTGAACT
>HPV80_Beta_2911565_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GTACTACGCCTTGCATTACCAAATACTAATTGAGACCCGCTAAAATCTTCTATATGATCT
>HPV80_Beta_2911565_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GAGGAACCTGTGTATGTAGTAGTACTACGCCCTTGCATTACCAAATACTAATTGAGACCCGC
>HPV80_Beta_2911565_nt5501_Genome_Tile_rc|1
CTACATTATAGCCCTGAACATCCTGAATATAAAATCCAGTATTTCTAGGAGACTCAAATC
>HPV80_Beta_2911565_nt6101_Genome_Tile_rc|1
GAAGTATTCTGTCTGTCATCAGTAGAACCTCCCTGGTAGCCACTATTATTTTCTGTGTCC
>HPV80_Beta_2911565_nt6241_Genome_Tile_rc|1
CAGTATTTTTTAAGTTCTAATGGAGGACATTTTCCAGCTTGGTTATTTTCTTCTGATGCAC
>HPV80_Beta_2911565_nt6761_Genome_Tile_rc|1
GTATTATATTCAGTTATAGTACTACCATCAGAAGTAACACTTATGGTGAAATTAGTGTTT
>HPV80_Beta_2911565_nt7141_Genome_Tile_rc|1
AAGATCTGATGGTTTTGGGACGTCTTTGTAAACCTGCCTGAAATATAAAATTCCTTCCTA

>HPV77_Alpha_2911558_nt0061_Genome_Tile_rc|1
GTCCATCACTTGTAGACATAGCTACTGCCAGGCTGTACTGACGCCCTTTTATATGTCTCT
>HPV77_Alpha_2911558_nt3861_Genome_Tile_rc|1
AGGGCTAAATAGCAGTGTAGCACAGTTCTATGTAAATACAGACATGTGGCCTAAAATGGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TATGATAGGATACATGGTAGTGTACTGATTATTGCGTGCAATGCGAGAAACAACCTGTA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4181_Genome_Tile_rc|1
TCCCAAGTGTCTATATACAATAAACAATAATAAGCATACAAACAGTATTAACAAACCCAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4201_Genome_Tile_rc|1
AGCATACAACATTACAATAATCCCAAGTGTCTATATACAATAAACAATAATAAGCATACA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TACACCACATCTATAAGTGCAGCATACAACATTACAATAATCCCAAGTGTCTATATACAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4241_Genome_Tile_rc|1
GGCCACGTATGAAATACAAGTACACCACATCTATAAGTGCAGCATACAACATTACAATAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4261_Genome_Tile_rc|1
GTACACATACACAATCCAATGGCCACGTATGAAATACAAGTACACCACATCTATAAGTGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt4281_Genome_Tile_rc|1
AAAAAGTGGTACAAAAGCAAGTACACATACACAATCCAATGGCCACGTATGAAATACAAG
>HPV77_Alpha_2911558_nt4301_Genome_Tile_rc|1
AAAACAAAAACACAAAACAAAAAAGTGGTACAAAAGCAAGTACACATACACAATCCAAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt4321_Genome_Tile_rc|1
TTTATTCAACTGCAAAGAAAAAACAAAAACACAAAACAAAAAAGTGGTACAAAAGCAA
>HPV77_Alpha_2911558_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GCACTTCTACCAAGTGACGGCTCAGTATACAAAGGATTAGTGAAGTTTGTGCTAGTAACTA
>HPV77_Alpha_2911558_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CCCCAAAAGAGGTAAGATTGCGACCACTGTTCTGTAAGGCCACGTACGCATCGTCTACATC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TGGACAGTGCAGAAGGGAGGGAGGACGATGCACCGCGACCCCCAAAAGAGGTAAGATTGC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TGTTACATTGCCAATCTTAGTGGACAGTGCAGAAGGGAGGGAGGACGATGCACCGCGACC
>HPV77_Alpha_2911558_nt5581_Genome_Tile_rc|1
AGGCAAAACAATGTCGGGGCCAGTGTGTAAATGCACATCCACCGGAGATATAAATGGAAT
>HPV77_Alpha_2911558_nt6301_Genome_Tile_rc|1
ATTAACTCCAAGGGAGGACAGTCTCCTGGGGTAGTATTAGTACGTGCACAAGGGGTACCC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6561_Genome_Tile_rc|1
TGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCACCCGCACGATTGAAAAAGTGTC
>HPV77_Alpha_2911558_nt6581_Genome_Tile_rc|1
CTCACGCCCCGCTACTCCCTTTGAGGTACAAAGATTCTGGAATTTTGTCTCCAACATCACC
>HPV77_Alpha_2911558_nt7221_Genome_Tile_rc|1
GTTTGGTTCGAAGCTGGGGAGGGGTGGGCGCCCGGCGTTTGGCGAGAGGGAACCACCGAAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt7321_Genome_Tile_rc|1
TACCATACAAAACACATGCAATACACAGTACACATACATAGTTGTCTGTAACATACATAC
>HPV77_Alpha_2911558_nt7341_Genome_Tile_rc|1
AGTTGTTGTATACACACATACCATACAAAACACATGCAATACACAGTACACATACATA
>HPV76_Beta_2911551_nt0001_Genome_Tile_rc|1
TTACCGTCGCTCTTCTGCTGCCAAAATGTTCTCGGCCAAAATCGTTGTTGGAACAAATCTG
>HPV76_Beta_2911551_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TAAATCCAGGCGTTTCAAACAAAATTGACACCTTATTATAATGTTCTGCTATATTTTCTGC
>HPV76_Beta_2911551_nt4141_Genome_Tile_rc|1
TAATATATTAGTAGTGAAGCAAGGTTAGTGGTTAATTAATGTTTATAACCTATCAAAGT
>HPV76_Beta_2911551_nt4801_Genome_Tile_rc|1
GGCCACCTGAGCCACTGGTAACTACAATTTGGTCTGACAATGCGGATTCCCCTAGTGTTG
>HPV76_Beta_2911551_nt5141_Genome_Tile_rc|1
CTTAGTTTAGCTATATCCAAAAGTCTCTATTAGGTGGCTCCTCAACAGTAGCTACATCT
>HPV76_Beta_2911551_nt5161_Genome_Tile_rc|1

TGTCTGAATATAGTGGACGACTTAGTTTGTAGCTATATCCAAAAAGTCTCTATTAGGTGGCT
>HPV76_Beta_2911551_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TCTTTATAGAAATGTACCTGAGCCCCCTACAGTAGCACCATTCTAGTCCTTATAGAGGCT
>HPV76_Beta_2911551_nt5581_Genome_Tile_rc|1
ACACTGTATAACCCTCTAAGTCCTGCACATAAAATGTATCTGCTCGGGGTGTTGTAAATC
>HPV76_Beta_2911551_nt6041_Genome_Tile_rc|1
AGTCTTTCTTCTCAGGATTATAGACATTCATGTCTACCAAGGCGAATCTATTGGGATCT
>HPV76_Beta_2911551_nt6341_Genome_Tile_rc|1
ATATCTCCATCTTCTATTACAGTATTTACCAGTTCCAAAGGTGGACATTTGCCTACCCCT
>HPV76_Beta_2911551_nt7141_Genome_Tile_rc|1
ATGACAATTTCTCAGTTAGATCCACTTGCCAAAAATTGTATTGCTCATATGGATCCTTTT
>HPV75_Beta_2911544_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TATATCCAAACGTTTCAGACAAAACCTGGCACCTTACAATAAGATTATGTATACTTTCTGC
>HPV75_Beta_2911544_nt5121_Genome_Tile_rc|1
CTGGACGACTGAGCTTTGCTATATCTAAAAATCCCTATTTGGGGGTTCCTCAATAGTAG
>HPV75_Beta_2911544_nt5241_Genome_Tile_rc|1
TACTTAAATCTGTATAAAAAATGAACCTGAGCTCCTACAGTAGCCCCACTCCTGGTTCTAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CTGAATTGGGAAACAGCATTTCCCAATCTGTAGCGTTTTTTGCTTTTCCTACTTTTATATG
>HPV73_Alpha_1491692_nt0121_Genome_Tile_rc|1
TATCATGTATAGAAATATTCACTTCGTCACATAACGCTTGTAGCTTGTATGGTCGTTCTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt0141_Genome_Tile_rc|1
AAACACACAGTCCAGGTTTATATCATGTATAGAAATATTCACTTCGTCACATAACGCTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TGCCATATACTGATTGTCTATATCGCCTATACTCTCTAATTTTAGAATAAAATTTTAAAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt0321_Genome_Tile_rc|1
AGTTAAATTTTCTAACGTAGTGCCATATACTGATTGTCTATATCGCCTATACTCTCTAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CACTCTTAAATCAGCTTTGTTGCTTTCAATGGCAAGGCATACTGTGCACTGACACTTCGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt0741_Genome_Tile_rc|1
CCCATAAGCAACTCTTCTATCACTCTTAAATCAGCTTTGTTGCTTTCAATGGCAAGGCAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt1141_Genome_Tile_rc|1
ACTTATTGACAATACATTTATTTGTGGACTAAGCTGTTTGTCTATGAATTCATCTCTTTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt1161_Genome_Tile_rc|1
TTAGATGTACTTCTACCGCTACTTATTGACAATACATTTATTTGTGGACTAAGCTGTTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1281_Genome_Tile_rc|1
CCTTCTTCATTAACATTTTGTAAACACCCCTACCCCTGCCCAAGTCCCGGTACCTCTGTC
>HPV73_Alpha_1491692_nt1321_Genome_Tile_rc|1
GGACCCACTACTGCTTTCACGTGGCGACACAATTTGGTTGCCTTCTTCATTAACATTTTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TTGCTAGCAATGCTGCTTTTGCATTATTCCTTTGTAATAAATTTGTAATATCTGTTATAG
>HPV73_Alpha_1491692_nt1581_Genome_Tile_rc|1
TGTATATACATACAATACTGTGTTAGTAAGGATTTTAAACTTTCTGCAAGTGAGGGTATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TTTGATATCTTAGGAATAGCACAAATATCTTCCAATTACCACCATCATTAGTTAAATCAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt2161_Genome_Tile_rc|1
AAAAGGCATAAATTCATATTTTGATATCTTAGGAATAGCACAAATATCTTCCAATTACC
>HPV73_Alpha_1491692_nt2181_Genome_Tile_rc|1
AATTGTTTAAATGTAATTAATAAAGGCATAAATTCATATTTTGATATCTTAGGAATAGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt3121_Genome_Tile_rc|1
GCCCACCCCTTCATACCAACAATATATATGTGTCCAAATACATATTGCATGCTATTG
>HPV73_Alpha_1491692_nt3141_Genome_Tile_rc|1
CTATTTTGTCTACCTACCTTTGCCACCCCTTCATACCAACAATATATATGTGTCCAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt3701_Genome_Tile_rc|1
AGTTTGTGGTATTTTACATGTTGTAAAAAATGTTGTTGTTGCAATACAGTTGTAAACAT

>HPV73_Alpha_1491692_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TATCCTGATGTAAC TACAATAGTTTGTGGTATTTTTACATGTTGTAAAAAATGTTGTTGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt3741_Genome_Tile_rc|1
ACCAATGTTACAAAGACATGTATCCTGATGTAAC TACAATAGTTTGTGGTATTTTTACAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt3761_Genome_Tile_rc|1
AGAATCATATATACTGTGTAACCAATGTTACAAAGACATGTATCCTGATGTAAC TACAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt3781_Genome_Tile_rc|1
ACAAAAATACAAATATACAAAGAATCATATATACTGTGTAACCAATGTTACAAAGACATG
>HPV73_Alpha_1491692_nt3801_Genome_Tile_rc|1
CAAAACAAAAGCCAACACAAAACAAAATACAAATATACAAAGAATCATATATACTGTGTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt3921_Genome_Tile_rc|1
CAAAACATATAAAAAAATACTTTTAAACAATGATTGTGATACATGTATAAAGGTTATTAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4001_Genome_Tile_rc|1
GTTTATTATATATGTAAAATTGTTTATGTTATTTGTAATGTAGCATGGTAATGTACAAGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4021_Genome_Tile_rc|1
TACACTAAAAATATTAGGCAGTTTATTATATATGTAAAATTGTTTATGTTATTTGTAATG
>HPV73_Alpha_1491692_nt4341_Genome_Tile_rc|1
AGAAGAATCTGAAGGCCCAACAGACGTAACAAC TGTGGTCGTATAGGTTGTAATGGAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4361_Genome_Tile_rc|1
TCTTCCACTAATGAAACAATAGAAGAATCTGAAGGCCCAACAGACGTAACAAC TGTGGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4401_Genome_Tile_rc|1
AGATGTAGGACCAGGTATACCTGACTCTATAAACTTGATTCTTCCACTAATGAAACAAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4421_Genome_Tile_rc|1
CCTGAAGTAGAAGGCAC TATAGATGTAGGACCAGGTATACCTGACTCTATAAACTTGAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt4441_Genome_Tile_rc|1
CAGAAGTTGTAATATCAAACCTGAAGTAGAAGGCAC TATAGATGTAGGACCAGGTATAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5081_Genome_Tile_rc|1
ATACTAGGTGTTTGTGGTGTAACTAAAGGTTGCATTTCAATATCATTAGTAGGTATAGGA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TCTACATCATTTGTCTAAAAACACATCATATAACCCATCATTAATACTACTACCAGTTACT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TTTGTGTGTAGTACAGTCTCTTCTACATCATTTGTCTAAAAACACATCATATAACCCATCAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TATACTTGTAGGTGTATATGTTTGTGTAGTACAGTCTCTTCTACATCATTTGTCTAAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TTGCAGTAGAAATATCACTACTAACTAACTATTACTATGTATACTTGTAGGTGTATATG
>HPV73_Alpha_1491692_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TGTAGAAGGTAGTGGTAAAGCAATATCTGGACCAGGATGTGTGTCTAACCCAGTACTAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GCTTTAAACAAATAATACTAGGGTGTAATATAAAACCTGACCCATAAAATATATATAGGAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt5601_Genome_Tile_rc|1
CGTTTTTGTAGAATCCTTGATAGGAAAATATGGGTGTCCACAGCCAACAAACGTGTGCTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt5861_Genome_Tile_rc|1
CTCTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGCATTTTCAGTATCATCTAATT
>HPV73_Alpha_1491692_nt5881_Genome_Tile_rc|1
ATAATCCACTGACATACATTCTCTACCATCTGTATTTTGTCCAGCAATGTATTTAGGAGC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6001_Genome_Tile_rc|1
CTTTAATTCCAGTGGGGGACAATCACCAGTATTAACAGTTTGTGAAGTACATGGCGTGCC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6501_Genome_Tile_rc|1
GCATACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACACATACAGAAAAATTAGTGCTT
>HPV73_Alpha_1491692_nt6521_Genome_Tile_rc|1
ATTCTTTAAAAATTAGAGTTGGCATAACGTTGTAGTAGAGCTACTAGCCTGTGTACCTACAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt6921_Genome_Tile_rc|1
TTAGGTGTGGCAC TTGTGGTAGCAGATGCAGAACGTTTAGAAGCTTGTAAC TTAGGACGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7001_Genome_Tile_rc|1

CAAACATACAAAACACATGTAACATACAACAAACAACACATACACATTACACTTATTAAA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7081_Genome_Tile_rc|1
ATACATATATATAAAACAAACAGTTATACACATGTACATAAACATACACACAGTATTAGTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TTAAACATACATACAAACATTACTACACATACACATACACATACACATACACACAAATAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CAACACACATATAAACTTTTATTAAACATACATACAAACATTACTACACATACACATACAC
>HPV73_Alpha_1491692_nt7181_Genome_Tile_rc|1
AGTCAAGTAAACCACCCACACAACACACATATAAACTTTTATTAAACATACATACAAACAT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7201_Genome_Tile_rc|1
ATACAAAATGGAAGCACAGTAGTCAAGTAAACCACCCACACAACACACATATAAACTTTA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7221_Genome_Tile_rc|1
ATGCATGTAAAATGGCGACTATACAAAATGGAAGCACAGTAGTCAAGTAAACCACCCACA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7241_Genome_Tile_rc|1
CGGTTGCCCTTTTACCTTAATGCATGTAAAATGGCGACTATACAAAATGGAAGCACAGT
>HPV73_Alpha_1491692_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TTACCTTTATAACCTTGCGTGGGATGAACATGTAAAGGAAACAAACCTGCCAAGTTGCC
>HPV73_Alpha_1491692_nt7581_Genome_Tile_rc|1
GCAGTATGAGTAACACGTTATTACTCATTATATAAAACAATTACTTGGCATTAAAAACA
>HPV73_Alpha_1491692_nt7601_Genome_Tile_rc|1
ATAGGTTTAACCTTTTAGGTGCAGTATGAGTAACACGTTATTACTCATTATATAAAACAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0021_Genome_Tile_rc|1
TGTGTAGGATCCTCAAAGCGTGCCATGCCGTTGCCCTTTTCTTTTCAACTACCTTTATAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0101_Genome_Tile_rc|1
TGCAAAACACACAATTGATGCGAATATCATGCAGAGGAATATTCAATGTTGTGCTCAAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0161_Genome_Tile_rc|1
ACACTATAAAATAAGTCATTAAAAGCAAATTCAAATACCTCTCTTTCTTGCAAGTTCCCCTT
>HPV59_Alpha_557236_nt0201_Genome_Tile_rc|1
ATGCATTTTCAGACACGCTGCATACGGTGTACAGTCTCTATACACTATAAAATAAGTCATTA
>HPV59_Alpha_557236_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TTRACTCTTGCAATAAATGAAATGCATTTTCAGACACGCTGCATACGGTGTACAGTCTCTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TCTATAATATCTTAATTCTCTTACTCTTGCAATAAATGAAATGCATTTTCAGACACGCTGC
>HPV59_Alpha_557236_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TCTTGCTTTCAGCCTCTAATGTTTCTCCATACACGGAATCTCTATAATATCTTAATTCTC
>HPV59_Alpha_557236_nt0321_Genome_Tile_rc|1
AGGCATCTATAACAGCGTATCAGCAGCTCATGTAACGGTGTCTTGCTTTCAGCCTCTAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CTGTTGGACATAGAGGTTTTAGGCATCTATAACAGCGTATCAGCAGCTCATGTAACGGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt0361_Genome_Tile_rc|1
AGTTATATGCTTTAATTTATCTGTTGGACATAGAGGTTTTAGGCATCTATAACAGCGTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0401_Genome_Tile_rc|1
CTGTATATATTCAGCTATATTATGGAATCTTCTTTTTTTCAGTTATATGCTTTAATTTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TACGCGCTTGTCGTTGCTGTCTTAGGTGTCTTGCTCGGGTCCGACACCCACGACACTGTC
>HPV59_Alpha_557236_nt0481_Genome_Tile_rc|1
GTTTTACACCAAGTGTTCCTACTACGCGCTTGCTGTTGCTGTCTTAGGTGTCTTGCTCGGGT
>HPV59_Alpha_557236_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TTGCTTTTGGTCCATGCATTGTTTTACACCAAGTGTTCCTACTACGCGCTTGCTGTTGCTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt0561_Genome_Tile_rc|1
ACACAAGGTCAACTTCCTCATAATTTGTGGTTCCAAATCTAAACAATGTCACAAAGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt0581_Genome_Tile_rc|1
GTCAGGTAATTGCTCGTAGCACACAAGGTCAACTTCCTCATAATTTTGTGGTTCCAAATC
>HPV59_Alpha_557236_nt0621_Genome_Tile_rc|1
TAACTCCATCTGGTTCATCTTTTTCATTCTCGGAGTCGGAGTCAGGTAATTGCTCGTAGC

>HPV59_Alpha_557236_nt1141_Genome_Tile_rc|1
AATGGTGA CT TAGCTTTTTTTCCTGCGCGCTTTCTCACTACTGTTTTCTATACTGCAC
>HPV59_Alpha_557236_nt1161_Genome_Tile_rc|1
CATTTACTGATATTTCTTGTAATGGTGA CT TAGCTTTTTTTCCTGCGCGCTTTCTCAC
>HPV59_Alpha_557236_nt1181_Genome_Tile_rc|1
TTTTACTTTTGGGTGGTTAACATTTACTGATATTTCTTGTAATGGTGA CT TAGCTTTTTT
>HPV59_Alpha_557236_nt1201_Genome_Tile_rc|1
GGCACTGTTATTAACCTTCTTTTTACTTTTGGGTGGTTAACATTTACTGATATTTCTTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt1321_Genome_Tile_rc|1
TCGCTACAGTCTATTTGACTGTGCTACAAACACTGCCATTGCTATCCCCATTTCCAGTA
>HPV59_Alpha_557236_nt1341_Genome_Tile_rc|1
CAACATCCATGTTACTGCTGTCGCTACAGTCTATTTGACTGTGCTACAAACACTGCCAT
>HPV59_Alpha_557236_nt1361_Genome_Tile_rc|1
GGATGTTGGA ACTATGTTTTCAACATCCATGTTACTGCTGTCGCTACAGTCTATTTGACT
>HPV59_Alpha_557236_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TGTAACAATTGATTAGTGGGGGATGTTGGA ACTATGTTTTCAACATCCATGTTACTGCTG
>HPV59_Alpha_557236_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TATTTTTGCTATGTAATAACTGTAACAATTGATTAGTGGGGGATGTTGGA ACTATGTTTT
>HPV59_Alpha_557236_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TGCATACATAGCTGCTTTCTTATTTTTGCTATGTAATAACTGTAACAATTGATTAGTGGG
>HPV59_Alpha_557236_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CCATACAATTCTTTAAATTTTGCTATAGCTGCTTTCTTATTTTTGCTATGTAATAAC
>HPV59_Alpha_557236_nt2541_Genome_Tile_rc|1
ATCTGCTATTTAAATATGGCCACCTGTTATCTGTA ACTGGATTTGTATTTGATGTAATAA
>HPV59_Alpha_557236_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TGGAAATTTAAATACCATTAATCTGCTATTTAAATATGGCCACCTGTTATCTGTA ACTGG
>HPV59_Alpha_557236_nt2781_Genome_Tile_rc|1
GTTTATGTGTTCAATTAATGTCTTTACTATCGTTTTTCATAATGTTCTAATATTTGATCCTG
>HPV59_Alpha_557236_nt2801_Genome_Tile_rc|1
ATACGCACCAGTTTCCAATAGTTTATGTGTTCAATTAATGTCTTTACTATCGTTTTTCATAA
>HPV59_Alpha_557236_nt2821_Genome_Tile_rc|1
CAAATAAAATTACATTTTCCATACGCACCAGTTTCCAATAGTTTATGTGTTCAATTAATGT
>HPV59_Alpha_557236_nt2841_Genome_Tile_rc|1
TATATTGTTCTCTCTTGCTGCAAATAAAATTACATTTTCCATACGCACCAGTTTCCAATA
>HPV59_Alpha_557236_nt2941_Genome_Tile_rc|1
GCATTACAGTGGAAGTACGGTTTGACTGCAGTTCAATAGCTTCACATGCCTTGTTTTTAG
>HPV59_Alpha_557236_nt3081_Genome_Tile_rc|1
GTAATGCATTGTGTTTTCTTGCTGCAGATGGCGTTAGAGAGTTTGGCACAACTGAGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TATATAAATGTCCAGCTTGTTGTAATGCATTGTGTTTTCTTGCTGCAGATGGCGTTAGAG
>HPV59_Alpha_557236_nt3161_Genome_Tile_rc|1
AGTCCCCAAAAGTCCACATTTCTGTGGTTTTACACCACTGTCCTACATCATTTACATAA
>HPV59_Alpha_557236_nt3181_Genome_Tile_rc|1
CCTCTTCCACTTTATAATATAGTCCCCAAAAGTCCACATTTCTGTGGTTTTACACCACT
>HPV59_Alpha_557236_nt3241_Genome_Tile_rc|1
ACTTGTCTGTAGTCCCATATTTTTTGGCATCATGTATAAATTTTACATAGTACACCTGTT
>HPV59_Alpha_557236_nt3381_Genome_Tile_rc|1
GCCCCAAGTACGTGGCTTCGGGGGGCGTTGCGGAGGGGTATGATAGTTGCTCAGAAGATCC
>HPV59_Alpha_557236_nt3401_Genome_Tile_rc|1
TGACGGTTCCACGTTTGGGGGCCAAGTACGTGGCTTCGGGGGGCGTTGCGGAGGGGTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CTGGTAGACTGAGGGTGCTGTGTGTATCCACACTGTCTTGGTTCGCTTTCCAGTCTTCGTC
>HPV59_Alpha_557236_nt3481_Genome_Tile_rc|1
CACAGTAGTCCACTGACACGCTGGTAGACTGAGGGTGCTGTGTGTATCCACACTGTCTTG
>HPV59_Alpha_557236_nt3521_Genome_Tile_rc|1

CGCGGGTTGTTGCCTGGATGCAAACGGACGACTGGGTTGTCACAGTAGTCCACTGACACG
>HPV59_Alpha_557236_nt3661_Genome_Tile_rc|1
TTCCTGTCCAATGCCAGGTAGAGGAAATATTTTCAAATAACCAGTGTACTTTTCTTAATC
>HPV59_Alpha_557236_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TGCGTTGTGTTTCGCTTGTATATGTTAATGTTAAATGCCTGTTTTGGCTGATCCTCTGT
>HPV59_Alpha_557236_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TACAGTATCTAAAAATTCATTGCGTTGTGTTTCGCTTGTATATGTTAATGTTAAATGCC
>HPV59_Alpha_557236_nt3781_Genome_Tile_rc|1
TCATATACCCAACATGTATTTGTACACTATTAGGAATTTTTACAGTATCTAAAAATTCAT
>HPV59_Alpha_557236_nt3801_Genome_Tile_rc|1
GCATAACAACCATTTACACACTCATATACCCAACATGTATTTGTACACTATTAGGAATTTT
>HPV59_Alpha_557236_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TATTGGCTTGTGTTACATTTGCATAACAACCATTTACACACTCATATACCCAACATGTATT
>HPV59_Alpha_557236_nt3981_Genome_Tile_rc|1
AGGTGATAACCACAATATACACAAATACTAGTAACCATGTATATGCACACATATAGACAG
>HPV59_Alpha_557236_nt4001_Genome_Tile_rc|1
TAAAAAACACTCATATGAGGAGGTGATAACCACAATATACACAAATACTAGTAACCATGT
>HPV59_Alpha_557236_nt4021_Genome_Tile_rc|1
ATAAAAAACAATATATATAGTAAAAAACACTCATATGAGGAGGTGATAACCACAATATAC
>HPV59_Alpha_557236_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATAGTAGTAACAGTGGAATTATAAAAAACAATATATATAGTAAAAAACACTCATATGAGG
>HPV59_Alpha_557236_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GGACAGTATTGCATGGGCATATAGTAGTAACAGTGGAATTATAAAAAACAATATATATAG
>HPV59_Alpha_557236_nt4081_Genome_Tile_rc|1
ATATACAGCAATTATTGTATGGACAGTATTGCATGGGCATATAGTAGTAACAGTGGAATT
>HPV59_Alpha_557236_nt4101_Genome_Tile_rc|1
ACAGTGCAATGTAATTTACAATATACAGCAATTATTGTATGGACAGTATTGCATGGGCAT
>HPV59_Alpha_557236_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TTTAAATATACTGTACAATACAGTGCAATGTAATTTACAATATACAGCAATTATTGTAT
>HPV59_Alpha_557236_nt4421_Genome_Tile_rc|1
CATCTACTATAGTGTGTTGTACGCCCCCTAAAGGTATGTACCCTGTTCTGCCACCGGTAC
>HPV59_Alpha_557236_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TGGTGGTTTAGCAGGCGATACATCTACTATAGTGTGTTGTACGCCCCCTAAAGGTATGTA
>HPV59_Alpha_557236_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TTATATCCAAAACAGCTGGTGTGTTGTACTAGAGGTAGATATTTCAAATCCTGAAGTAC
>HPV59_Alpha_557236_nt4621_Genome_Tile_rc|1
TTGAACAGAAGAGGTTGGGGTTATATCCAAAACAGCTGGTGTGTTGTACTAGAGGTAGA
>HPV59_Alpha_557236_nt4641_Genome_Tile_rc|1
ATAAACTAGAGCTACTAATTTGAACAGAAGAGGTTGGGGTTATATCCAAAACAGCTGGT
>HPV59_Alpha_557236_nt4921_Genome_Tile_rc|1
ATATGTAACAAATGTGGATGGACGTGTTAAAAAGTCAGCGTTAGACACCCGAACCTGTTG
>HPV59_Alpha_557236_nt4981_Genome_Tile_rc|1
AACCTCTGATGAGGGGTCAAAGTTAATGTAGTATCAATTGGATCATAAGCAGGGTTATC
>HPV59_Alpha_557236_nt5221_Genome_Tile_rc|1
ATATATATCATATATATCATCAGTAGCAGCCTGGGAAGAAACAAGAGGTTGCAATTCAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt5241_Genome_Tile_rc|1
GCTTCATCTGTAATATCTGCATATATATCATATATATCATCAGTAGCAGCCTGGGAAGAA
>HPV59_Alpha_557236_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TTTAGGAATTGTAAATGCAGTGTGGCAGTACTAGTAGGTGCTTCATCTGTAATATCTGC
>HPV59_Alpha_557236_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TAGATGCCGACCGTGTAAATGACAACTTTGAAAAGAAGATTTAGGAATTGTAAATGCAG
>HPV59_Alpha_557236_nt5341_Genome_Tile_rc|1
AGTTACATTTGAAAAGGTGCTAGATGCCGACCGTGTAAATGACAACTTTGAAAAGAAGA
>HPV59_Alpha_557236_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GGTTCAACAATATTAGTATTAGGTAAAACTATATCGGGTCCTGTATTTACAGGAACATCC

>HPV59_Alpha_557236_nt5441_Genome_Tile_rc|1
AGGGTGTAGTAGAATAAGTGGGTTCACAATATTAGTATTAGGTAAACTATATATCGGGTC
>HPV59_Alpha_557236_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AATAGACTGTATGGTGGTAAAGGGTGTAGTAGAATAAGTGGGTTCACAATATTAGTATT
>HPV59_Alpha_557236_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TAATTTGTGCCTTCTATATTAATAGACTGTATGGTGGTAAAGGGTGTAGTAGAATAAGTG
>HPV59_Alpha_557236_nt5501_Genome_Tile_rc|1
AATATATAGGCCATAAAAAATAATTTGTGCCTTCTATATTAATAGACTGTATGGTGGTAA
>HPV59_Alpha_557236_nt7081_Genome_Tile_rc|1
AAACAACACTATTTTCTGGAAGACTTGCGACGCTTAACACGTTTTTGGTGATGGGGTAGAG
>HPV59_Alpha_557236_nt7161_Genome_Tile_rc|1
AACAAACATGTACATATACACAACATACAAACAGGCAAACAATACAAAACATACAACATG
>HPV59_Alpha_557236_nt7301_Genome_Tile_rc|1
GTAGGGCAATGTGTAATAATGTGTAATAAGGACAAAGAAACAATAAAGGGACAGTACCTT
>HPV59_Alpha_557236_nt7321_Genome_Tile_rc|1
GAACAAACACACCTATGTAAGTAGGGCAATGTGTAATAATGTGTAATAAGGACAAAGAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt7341_Genome_Tile_rc|1
ACATTTCAGGACAAAATGAAGGAACAAACACACCTATGTAAGTAGGGCAATGTGTAATAAT
>HPV59_Alpha_557236_nt7361_Genome_Tile_rc|1
ATGTGCAAATGCAAACTGGACATTTCAGGACAAAATGAAGGAACAAACACACCTATGTAA
>HPV59_Alpha_557236_nt7401_Genome_Tile_rc|1
GCAAAATGGAGGATTTAAAGGATAAAATGGACGCCATATAATGTGCAAATGCAAACTGG
>HPV59_Alpha_557236_nt7501_Genome_Tile_rc|1
GGAGGAAACAAGATGGGGATTAAGTGTTTTGCTGATGTTTAAACAGATTAATTGTTCAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt7521_Genome_Tile_rc|1
GTTAGTAGTCTAGGCGTGTAGGAGGAAACAAGATGGGGATTAAGTGTTTTGCTGATGTTT
>HPV59_Alpha_557236_nt7541_Genome_Tile_rc|1
ATTTGGCGTTTGTAAAGTTGTGTTAGTAGTCTAGGCGTGTAGGAGGAAACAAGATGGGGAT
>HPV59_Alpha_557236_nt7701_Genome_Tile_rc|1
GACACATTCTTGATTGCACAGTAGTTTTGCAAGCCAATTATGCAATTAAAGTAGTAAAA
>HPV59_Alpha_557236_nt7721_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTTTACAATAAATTATAGACACATTCTTGATTGCACAGTAGTTTTGCAAGCCAATT
>HPV59_Alpha_557236_nt7761_Genome_Tile_rc|1
CCTTTTTTCGGTTGCTTAACAATGACAAAAACCTTAGTCATGTTTTTTACAATAAATTATA
>HPV59_Alpha_557236_nt7781_Genome_Tile_rc|1
GTGTGCATGTACTTGCCCCGACCTTTTTTCGGTTGCTTAACAATGACAAAAACCTTAGTCAT
>HPV59_Alpha_557236_nt7821_Genome_Tile_rc|1
CTTTTTTTATTAATGATTGTAAAAAGTAATAAGTAGAAAGTGTGCATGTACTTGCCCCGA
>HPV56_Alpha_397053_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TAATTCAGTGCATGCAAAATTATATACCTCAGCACGTGTTAGTTCTTTTTTGCAATATAC
>HPV56_Alpha_397053_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TCATCCCTATACACTAATTTTAATTCAGTGCATGCAAAATTATATACCTCAGCACGTGTT
>HPV56_Alpha_397053_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TGCACACTGCATAAGGAAAATCATCCCTATACACTAATTTTAATTCAGTGCATGCAAAAT
>HPV56_Alpha_397053_nt1041_Genome_Tile_rc|1
CAATTGTTGACTGTTTCTGCGTCTGCCTGTATATTTTGTATATATGAATCGTCTATAAAT
>HPV56_Alpha_397053_nt1281_Genome_Tile_rc|1
ATTTTGTGTATTCCCGCACCCACGTCCCTGTACCTCTTCATCTACCTGTTCTGGTGTTC
>HPV56_Alpha_397053_nt1341_Genome_Tile_rc|1
ATCCATATGTATTACAGAGTCTCACTATTGTTACTATAGGTACTGTTTTGTGAGCCTCC
>HPV56_Alpha_397053_nt1361_Genome_Tile_rc|1
GTTTCATTGTTTCTATCAATATCCATATGTATTACAGAGTCTCACTATTGTTACTATAG
>HPV56_Alpha_397053_nt2401_Genome_Tile_rc|1
AATAATCGTCTATATATTTCCAACATATTTCTGTTGCATCATCCAACAACCCAAGTTTAG
>HPV56_Alpha_397053_nt3161_Genome_Tile_rc|1

ATATATACCTCTATAGTCTACCCCAGAACACACTTTTTTGCCACCCACAATCTCCATTGTA
>HPV56_Alpha_397053_nt3541_Genome_Tile_rc|1
TTGTTGTTGTTGATACTTCTACTTCTACTGTCGGTATTGTCTGTGTCGCTGATGTGTGTG
>HPV56_Alpha_397053_nt3561_Genome_Tile_rc|1
TAGTCTTATCACCAGGGTGGTTGTTGTTGTTGATACTTCTACTTCTACTGTCGGTATTGT
>HPV56_Alpha_397053_nt3741_Genome_Tile_rc|1
AAAAGCTGTTTCGTTGTGTTTCATCCTTATATATAATTGTAATTATGCTATAATTTTTAT
>HPV56_Alpha_397053_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CAAACCTAACCTGTACACTACTGGAATTTTTACATGACTTAAAAAGCTGTTTCGTTGTGTT
>HPV56_Alpha_397053_nt4101_Genome_Tile_rc|1
ACACAGCACAGGACAGTAAAAAATATCAAAAATATTATAAATGTATTAAAAAAGGATGT
>HPV56_Alpha_397053_nt4661_Genome_Tile_rc|1
CAGGGGGATCAATAAATAACGGATTGGTTATATGGGTACTACTGACATGTACAGTACTAG
>HPV56_Alpha_397053_nt6061_Genome_Tile_rc|1
TTACACACAGCACCTTTAGTCCAATGTTCACCCATAGCGGGAGTACATCCAACAATACAC
>HPV56_Alpha_397053_nt6081_Genome_Tile_rc|1
CTGTGGTAACCTGTGTGGACTTACACACAGCACCTTTAGTCCAATGTTCACCCATAGCGG
>HPV56_Alpha_397053_nt6381_Genome_Tile_rc|1
TACCATTGCTACCCTTTAAATATAACTCTGCAGGTATTGTTTCCCCAACTTTACCAGCCC
>HPV56_Alpha_397053_nt6801_Genome_Tile_rc|1
TGCTTCTAACATATCTATATTTATCTTCTAGGCTGGTGGCCACTGGCGGGGATAACCCAA
>HPV56_Alpha_397053_nt7001_Genome_Tile_rc|1
GGTAGGAGCAGATCGCTTTTTTAGAGGTAGCTACAGCAGGCTTTGACCTAGTGCCCAGTTG
>HPV56_Alpha_397053_nt7041_Genome_Tile_rc|1
CACACTACCGCCTTTTACGTTTTGCTGGTGTAGAGGTGGAGGTAGGAGCAGATCGCTTTT
>HPV56_Alpha_397053_nt7161_Genome_Tile_rc|1
AAACATTTACACAAACATTTACACAAACACAACATACACATACAAAGTATAAAATAAAG
>HPV56_Alpha_397053_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ATACACATAGTACACTGTACACAATAACTTACAAAACAAAAGCCACAATAATGACACACC
>HPV56_Alpha_397053_nt7381_Genome_Tile_rc|1
GTACAAAATGGCGGAAAAACAACAAAATGGAGTATGTTATGGTATATATATGTATGCACA
>HPV56_Alpha_397053_nt7461_Genome_Tile_rc|1
ATAATGGCACTAGGCCATGCAACCGAATTCCTTTTAGTTTAAATAATGGCACTAGGCCAT
>HPV56_Alpha_397053_nt7481_Genome_Tile_rc|1
AAAAGGGCCTTTTGGTTTAAATAATGGCACTAGGCCATGCAACCGAATTCCTTTTAGTTT
>HPV56_Alpha_397053_nt7581_Genome_Tile_rc|1
AGTCATAGTACCTGTGAGTAATACAGGGTGCGGTACTGTACATAATTCAAGTATAAAACA
>HPV56_Alpha_397053_nt7741_Genome_Tile_rc|1
AAAAAATGAGTAATTGTATGTTACATGTTTGCAAAACAGATACTGACAGATACTTGGCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TTGCTGGATCCTCAAACATGGCCGTGCGTTAGCTACACTGTGTTCTATATATATACACCG
>HPV52_Alpha_397038_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TACTATTTCGTAAATCTGTAAATAGAACTTGTATACCTCTCTTCGTTGTAGCTCTTTTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TATGGATTATTGTCTCTATATACTATTTCGTAAATCTGTAAATAGAACTTGTATACCTCT
>HPV52_Alpha_397038_nt0241_Genome_Tile_rc|1
GGCACATAATACACACGCCATATGGATTATTGTCTCTATATACTATTTCGTAAATCTGTAA
>HPV52_Alpha_397038_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TATCTTAGATAAAAAGCGTAGGCACATAATACACACGCCATATGGATTATTGTCTCTATA
>HPV52_Alpha_397038_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TTTTCCCATACAGTGAATATTGATAATGCCATATTCACTTATCTTAGATAAAAAGCGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt0321_Genome_Tile_rc|1
TTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCCATACAGTGAATATTGATAATGCCATATTCACT
>HPV52_Alpha_397038_nt0341_Genome_Tile_rc|1
GTTATTTCACTTAATGGTTTTTTTTACCCTCTCTTCTAATGTTTTCCCATACAGTGAATAT

>HPV52_Alpha_397038_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TTCAGGACATAATGGCGTTTGCACAAATTATACATCTAATAGTTATTTCACTTAATGGTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TATGAAATCGCTTGTTCGATTAAACATGTCTTTCTTTTCTTCAGGACATAATGGCGTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt0521_Genome_Tile_rc|1
CTTTTATAGTTGCTTTGTCTCCACGCATGACGTTACACTTGGGTCACAGGTCGGGGTCTC
>HPV52_Alpha_397038_nt0701_Genome_Tile_rc|1
ATAGCCGTAGTGTGCTATCACAACCTGTGACAATATGTCACAATGTAGTAATTGCTTGTGG
>HPV52_Alpha_397038_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CGTCGCAGTGCTATGAATGCATAGCCGTAGTGTGCTATCACAACCTGTGACAATATGTCAC
>HPV52_Alpha_397038_nt0741_Genome_Tile_rc|1
TGCTGTAGAGTACGAAGGTCCGTGCGAGTGCTATGAATGCATAGCCGTAGTGTGCTATCA
>HPV52_Alpha_397038_nt1121_Genome_Tile_rc|1
CTACCATGTTTTCTACACCATCTTGCCAGCACTTTCCGGACTGCTTGTAACCTTTTCGT
>HPV52_Alpha_397038_nt1141_Genome_Tile_rc|1
AAATGTGTTTTGCACGCGGACTACCATGTTTTCTACACCATCTTGCCAGCACTTTCCG
>HPV52_Alpha_397038_nt1161_Genome_Tile_rc|1
AACACACTCTGTATTTACACAAATGTGTTTTGCACGCGGACTACCATGTTTTCTACACC
>HPV52_Alpha_397038_nt1181_Genome_Tile_rc|1
CATGGTTTGCCTTTTGGTAAACACACTCTGTATTTACACAAATGTGTTTTGCACGCGGA
>HPV52_Alpha_397038_nt1321_Genome_Tile_rc|1
AACTTACATCTGAATTACTAGCCCCCACCCTTGATTGACTACTGTTACTTTGCCAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt1341_Genome_Tile_rc|1
ATTGTCTCTATACTAGTACAACCTTACATCTGAATTACTAGCCCCCACCCTTGATTG
>HPV52_Alpha_397038_nt1361_Genome_Tile_rc|1
GTTCTATTACTATTTTCCTCATTGTCTCTATACTAGTACAACCTTACATCTGAATTACTA
>HPV52_Alpha_397038_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TATTTTGTATGCTTTTTAGCGTTCTATTACTATTTTCCTCATTGTCTCTATACTAGTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TATGCTATTTTCGCACATAATATTTTGTATGCTTTTTAGCGTTCTATTACTATTTTCCTC
>HPV52_Alpha_397038_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TTAAATAATACAGTTGTTTTATGCTATTTTCGCACATAATATTTTGTATGCTTTTTAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CACCATATGTTTCTTTAAATTTAAATAATACAGTTGTTTTATGCTATTTTCGCACATAA
>HPV52_Alpha_397038_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TACTAATTCCATAAAGCTAACACCATATGTTTCTTTAAATTTAAATAATACAGTTGTTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt1561_Genome_Tile_rc|1
GCTGTATTAATACTTTTAATCCTTCTGCAACTGATGGTGTTACTCCCATTCCTATAATAC
>HPV52_Alpha_397038_nt2561_Genome_Tile_rc|1
TTTTTGAAATGAAACACAACCAATCTACTATGTAAATATGGCCACCTAGGATCTGTTCCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt2841_Genome_Tile_rc|1
TGAGTTATTTCCAGTTCCTTTGCTTTGTAAACAAAACACATTCCATTCGAGTCAATTTCC
>HPV52_Alpha_397038_nt2981_Genome_Tile_rc|1
CTAGACTTGTGTTGTAATGTCCATCCATCTGTGCTATATTGTGTTTTGTTTAATGCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt3041_Genome_Tile_rc|1
GCACTGTTATTGTATACCCATGTTTTTTAAAGTATTTTTGTGGTTCTGCACGCCACATTT
>HPV52_Alpha_397038_nt3061_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTATCATTATCGTATTGCACTGTTATTGTATACCCATGTTTTTTAAAGTATTTTTG
>HPV52_Alpha_397038_nt3101_Genome_Tile_rc|1
GTAAATAAATTTCTTCCAGTTTGTATAATCCATAGTATTGTTTTTATCATTATCGTATT
>HPV52_Alpha_397038_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TGTACATTACACCTCACCAAGTAAATAAATTTCTTCCAGTTTGTATAATCCATAGTATT
>HPV52_Alpha_397038_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TCTACTTGTCCTTCTACAATTGTACATTCACACTCACCAAGTAAATAAATTTCTTCCAG
>HPV52_Alpha_397038_nt3161_Genome_Tile_rc|1

AATAATATAACCCATAGTAATCTACTTGTCTTCTACAATTGTACATTCACACTCACCAA
>HPV52_Alpha_397038_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TATTTTTTCTCCATCACACCAATAATATAACCCATAGTAATCTACTTGTCTTCTACAAT
>HPV52_Alpha_397038_nt3241_Genome_Tile_rc|1
TACTTCCCATACTCCTGTTACACAATATTGCTTTGCATCGTTACTAAATTTTACAAAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt3361_Genome_Tile_rc|1
ACCCACGGACACTGCGGAGGTCTTGGAGGTTTCGGTGCATAGGTGGACAGCAGTTTCAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt3401_Genome_Tile_rc|1
GTCGTCGTTTCTGTGGTGGTTGTAGGTGTGTGTCTTTGGCACCCACGGACACTGCGGAGG
>HPV52_Alpha_397038_nt3481_Genome_Tile_rc|1
TGTAGTACTGTCCACGGATTGTTGTCCCCGCAAAGGTTGTTGGGGTACTTGGTGTTCCT
>HPV52_Alpha_397038_nt3541_Genome_Tile_rc|1
ACAAGTTGTATGTGCAACCCGTCCTTTGTTGTGCACTCAGTTGCAGTGACGAGTCCCCG
>HPV52_Alpha_397038_nt3581_Genome_Tile_rc|1
AACTATTAGGATCACCTTTTAGGTGTATTATAGGTGCAGTACAAGTTGTATGTGCAACCC
>HPV52_Alpha_397038_nt3801_Genome_Tile_rc|1
ATGTACAAATATCACAAATGACATGACACCTTGTATAAATTGCACAGTATTGTTATTTTA
>HPV52_Alpha_397038_nt3961_Genome_Tile_rc|1
CATACACCGATATAGTAGCAAGAGCGGCCCTAAGCACTGCACAAAACACCATAAGCAAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt4041_Genome_Tile_rc|1
AAACAGTAGGTACAAAAAAACACTTTAAATGGTGACCCAATAGATACCCATAGCAAAAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TTATTGCAGTTGTGCCAAATACTGTGCATGACAGTGAATACAAAACATTGGAAAATATAA
>HPV52_Alpha_397038_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TAGCCAATCTACATGTACAGTTATTGCAGTTGTGCCAAATACTGTGCATGACAGTGAATA
>HPV52_Alpha_397038_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AACTACAAAAGTGAAAAAGTATATTTTGCATATATGCATGTAGCCAATCTACATGTACAG
>HPV52_Alpha_397038_nt4181_Genome_Tile_rc|1
ATAAAAGTATTTATTAGACAAACTACAAAAGTGAAAAAGTATATTTTGCATATATGCATG
>HPV52_Alpha_397038_nt4241_Genome_Tile_rc|1
AGAAGCACGTTTGTGCCGTGTAGACCGTCTGTATCTCATTGCGACAAGCTATTAAAAAAT
>HPV52_Alpha_397038_nt4481_Genome_Tile_rc|1
AGTTACAGGGGGACGAATGGTGGACGTGTAATACTACTAGTGGGAGGACGAGTGGACAA
>HPV52_Alpha_397038_nt4501_Genome_Tile_rc|1
AAGGGACCAATGGGTTCTACAGTTACAGGGGGACGAATGGTGGACGTGGTAATACTACTA
>HPV52_Alpha_397038_nt4521_Genome_Tile_rc|1
TAGAAACTATAGATGGTTCTAAGGGACCAATGGGTTCTACAGTTACAGGGGGACGAATGG
>HPV52_Alpha_397038_nt4541_Genome_Tile_rc|1
AAATGTTGTTTCTTCTATCATAGAACTATAGATGGTTCTAAGGGACCAATGGGTTCTAC
>HPV52_Alpha_397038_nt4761_Genome_Tile_rc|1
TTGGACTAGAAAACAATACATGACCAGATGCTTCTGCAGGTGCCGGGGGCTGTATTATAG
>HPV52_Alpha_397038_nt4781_Genome_Tile_rc|1
ATAGGTGTGTGTACTAATAGTTGGACTAGAAAACAATACATGACCAGATGCTTCTGCAGG
>HPV52_Alpha_397038_nt4841_Genome_Tile_rc|1
ACTACTTGTTACACTGCTGCTGTCAGTAGAGGTAACAAATGTATCCATAGGGATTTCTTC
>HPV52_Alpha_397038_nt4961_Genome_Tile_rc|1
GTTATATGTTACTAATTTCTGTGGTGATGACATAAAAGCAGGGTCGACTACCTTAACCTG
>HPV52_Alpha_397038_nt4981_Genome_Tile_rc|1
ACGCCCTCAAAAACAGGATTGTTATATGTTACTAATTTCTGTGGTGATGACATAAAAGCA
>HPV52_Alpha_397038_nt5001_Genome_Tile_rc|1
TTATAGTTTTCATCTGTATCAACGCCCTCAAAAACAGGATTGTTATATGTTACTAATTTCT
>HPV52_Alpha_397038_nt5021_Genome_Tile_rc|1
AAGTTGTGAACGATCAAAAATTATAGTTTCATCTGTATCAACGCCCTCAAAAACAGGATT
>HPV52_Alpha_397038_nt5241_Genome_Tile_rc|1
GTAATAAAGGTTGCAATTCTATGTCTTCCTGAACTTCAGCAGGCTGGATAGGACTAATAT

>HPV52_Alpha_397038_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GTAAGGGGACACAGACTGTGGTAATAAAGGTTGCAATTCTATGTCTTCTGAACTTCAGC
>HPV52_Alpha_397038_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TACAAACCATCATTAATAGTGTAAGGGGACACAGACTGTGGTAATAAAGGTTGCAATTCT
>HPV52_Alpha_397038_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AAGAATCTGCATACACATCATACAAACCATCATTAATAGTGTAAGGGGACACAGACTGTG
>HPV52_Alpha_397038_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GTAGAAAGTGTGGAAGGTAAGTGAAACGTGGGTTGCTGCAAAGAATCTGCATACACATCA
>HPV52_Alpha_397038_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AATACCACTATTAATAGGTACAGTGAAAAGTATTATTATGGGTAGAAAAGTGTGGAAGGTAA
>HPV52_Alpha_397038_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GTGGGTTGATATACAAAGTCAATACCACTATTAATAGGTACAGTGAAAAGTATTATTATGG
>HPV52_Alpha_397038_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GACCTGACTCAATGGACATAGTGGGTTGATATACAAAGTCAATACCACTATTAATAGGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt5441_Genome_Tile_rc|1
CGAAGGTAATGGAATGTCAGGACCTGACTCAATGGACATAGTGGGTTGATATACAAAGTC
>HPV52_Alpha_397038_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AAAGGAGTATGTGTGGGTAACGAAGGTAATGGAATGTCAGGACCTGACTCAATGGACATA
>HPV52_Alpha_397038_nt5501_Genome_Tile_rc|1
AATAATAGATGTAGATGGAGCTGTAGGGGCTATAGGAACAAAAGGAGTATGTGTGGGTAA
>HPV52_Alpha_397038_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ATAAAATCTGTACCATCAACAATAATAGATGTAGATGGAGCTGTAGGGGCTATAGGAACA
>HPV52_Alpha_397038_nt5761_Genome_Tile_rc|1
CATTACCACTACTGGTGTTTTTAATAGAAAAATAGGGATGTCCTACTGTTAGTAATCGAG
>HPV52_Alpha_397038_nt5781_Genome_Tile_rc|1
GGGAACATAAACTTTTTTACCATTACCACTACTGGTGTTTTTAATAGAAAAATAGGGATG
>HPV52_Alpha_397038_nt5801_Genome_Tile_rc|1
TATTGCAGGCCAGACACCTTGGGAACATAAACTTTTTTACCATTACCACTACTGGTGTTT
>HPV52_Alpha_397038_nt6161_Genome_Tile_rc|1
AGCTGTAGGGGAGGACAATCCCCAGGATTCCTGAATTATTATTACAAGGGGTTCCCTTA
>HPV52_Alpha_397038_nt6461_Genome_Tile_rc|1
CTTTGTACAGTGGCAGTATTGCCAGAGTTAGACCCTTGTATATATAAATCACCTGGCACA
>HPV52_Alpha_397038_nt6781_Genome_Tile_rc|1
CATCCATCTTATGAATGTATGTCATAACATCAGCTGTTAATGTAATTTTGCACAATTGAA
>HPV52_Alpha_397038_nt7041_Genome_Tile_rc|1
GCGTTTTAGTTTGGGCCTAGCCTGTAGCCCTGCCTGTAACAAAACTTCCTACCTAAAGG
>HPV52_Alpha_397038_nt7081_Genome_Tile_rc|1
TTTTCTTCTTTGTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGGGCGTTTTAGTTTGGGCCTAG
>HPV52_Alpha_397038_nt7101_Genome_Tile_rc|1
CAATGGTTACCTTTTAACCTTTTTCTTCTTTGTGGAGGTACGTGGGGCCGATGATGCAGG
>HPV52_Alpha_397038_nt7121_Genome_Tile_rc|1
ACAGACAATTACCCAACAGACAATGGTTACCTTTTAACCTTTTTCTTCTTTGTGGAGGTA
>HPV52_Alpha_397038_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CCTTTTAACCTGTGTTTGACATACACAACACATACATGACACAGACAATTACCCAACAGA
>HPV52_Alpha_397038_nt7201_Genome_Tile_rc|1
CAGTACACACACAAAACAATTACATAACAAACAATGGTTACCTTTTAACCTGTGTTTGAC
>HPV52_Alpha_397038_nt7221_Genome_Tile_rc|1
TACATAACATGCAAACAACACAGTACACACACAAAACAATTACATAACAAACAATGGTTA
>HPV52_Alpha_397038_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ATAAGACTACTATAAATAGTTTTAGTAAATACAGTACTTTTATTAATACATACACAAAACAT
>HPV52_Alpha_397038_nt7341_Genome_Tile_rc|1
GGGTGCAACCATAACATAACATAAGACTACTATAAATAGTTTAGTAAATACAGTACTTTA
>HPV52_Alpha_397038_nt7361_Genome_Tile_rc|1
AACTGTATTGTTACTCATGTGGGTGCAACCATAACATAACATAAGACTACTATAAATAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7401_Genome_Tile_rc|1

GGGACACAGGGTAGGGCAGGAGATGCAATAGATTAGGAGCAACTGTATTGTTACTCATGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7441_Genome_Tile_rc|1
TAATTAGTAGTGTAAACAAAGTAGGACACAGGGTAGGGCAGGGGACACAGGGTAGGGCAGG
>HPV52_Alpha_397038_nt7461_Genome_Tile_rc|1
CAAAATGGAGAGTATAAGGCTAATTAGTAGTGTAAACAAAGTAGGACACAGGGTAGGGCAG
>HPV52_Alpha_397038_nt7481_Genome_Tile_rc|1
GTGGATAGTACAAAATGGTACAAAATGGAGAGTATAAGGCTAATTAGTAGTGTAAACAAAG
>HPV52_Alpha_397038_nt7501_Genome_Tile_rc|1
TTCGGTTAGGATTTAAAATGGTGGATAGTACAAAATGGTACAAAATGGAGAGTATAAGGC
>HPV52_Alpha_397038_nt7621_Genome_Tile_rc|1
ACAACAAGTGTAGACCAGTGGACTGCAGGAAACCAAAGGATTAAGCAGTTTGCTGAAACT
>HPV52_Alpha_397038_nt7641_Genome_Tile_rc|1
AAGAAGTCAGTTTAGGCGGGACAACAAGTGTAGACCAGTGGACTGCAGGAAACCAAAGGA
>HPV52_Alpha_397038_nt7681_Genome_Tile_rc|1
AATGTATTGTTTAGCTGCACTGCAGGACCTGTGAGTCAGCAAGAAGTCAGTTTAGGCGGG
>HPV52_Alpha_397038_nt7781_Genome_Tile_rc|1
GGCGTAGGATGTACTTGTGTAAGCCAACTGTAAATTAGTGCATTGAAAGTTTAAATAAA
>HPV52_Alpha_397038_nt7801_Genome_Tile_rc|1
ATGTTTTACAAGACATATTTGGCGTAGGATGTACTTGTGTAAGCCAACTGTAAATTAGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7821_Genome_Tile_rc|1
GTGAGTAACAGTATTTAATCATGTTTTACAAGACATATTTGGCGTAGGATGTACTTGTGT
>HPV52_Alpha_397038_nt7861_Genome_Tile_rc|1
TGGGTACGGTAACCGTAACCGGTGCTGTAGTGCACACCTGGTGAGTAACAGTATTTAATC
>HPV52_Alpha_397038_nt7881_Genome_Tile_rc|1
ATTATAAAAAAAGTGGTTGTGGGTACGGTAACCGTAACCGGTGCTGTAGTGCACACCTG
>HPV45_Alpha_397022_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TCCAATGTTGCTTTGCAATATACACAGGCAATAGATACGTCTTGTAGTGATGTATTCAAT
>HPV45_Alpha_397022_nt0341_Genome_Tile_rc|1
TTATACAACCTCTGTATTAGTTATTTTTTCCAGTGTCTCTCCATATACAGAGTTTGAATAA
>HPV45_Alpha_397022_nt1421_Genome_Tile_rc|1
CTCCTTTAGTTCTGTAATACTGCAATGCGGATCTACATTTTCTGCATTGTCACACTACTATC
>HPV45_Alpha_397022_nt1441_Genome_Tile_rc|1
TTGTTACTTGCTTGTAATAGCTCCTTTAGTTCTGTAATACTGCAATGCGGATCTACATTT
>HPV45_Alpha_397022_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TTGTTGCCATCAAAGTATACGTGCACGGTTTTTACCGCCTTTTTTAAAACACTGCGACGGT
>HPV45_Alpha_397022_nt3121_Genome_Tile_rc|1
CATAGTTCATACAGTTGTCTTGTGGCCATCAAAGTATACGTGCACGGTTTTTACCGCCTT
>HPV45_Alpha_397022_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TACACCCCAATAGCTAACACATGCTGCTGTTTTGTCCCATATCCCTGTCTCAGTTATATA
>HPV45_Alpha_397022_nt3221_Genome_Tile_rc|1
TCTCCATCTTTTATATAATATACACCCCAATAGCTAACACATGCTGCTGTTTTGTCCCAT
>HPV45_Alpha_397022_nt3241_Genome_Tile_rc|1
ATTGTACATAATATGTGGTATCTCCATCTTTTATATAATATACACCCCAATAGCTAACAC
>HPV45_Alpha_397022_nt3261_Genome_Tile_rc|1
TTTCTCACATTCGCTTTTAAATTGTACATAATATGTGGTATCTCCATCTTTTATATAATA
>HPV45_Alpha_397022_nt3281_Genome_Tile_rc|1
CACGTATTACTATTTCCATATTTCTCACATTCGCTTTTAAATTGTACATAATATGTGGTA
>HPV45_Alpha_397022_nt3781_Genome_Tile_rc|1
TGTTAGGAATAGTAACATCCAAAAAGGTATTTCTTTGTACCTCACTATTATATGTTA
>HPV45_Alpha_397022_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TAAAGATAGCATAGTAATGTTACATACTGTATACAATATACAGATTCATATAGTCATGTA
>HPV45_Alpha_397022_nt4001_Genome_Tile_rc|1
GCAAAATGCTGTTAATGGGGATGTAATAACAACCTATAAAAAGAAACACCAACAACCAAGCA
>HPV45_Alpha_397022_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AATAGCAACAAATGTATACAGCAAATGCTGTTAATGGGGATGTAATAACAACCTATAAAAA

>HPV45_Alpha_397022_nt4041_Genome_Tile_rc|1
TAATACAAACATAGGTAGTAAATAGCAACAAATGTATACAGCAAATGCTGTTAATGGGGA
>HPV45_Alpha_397022_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GTGTGTAAAGCATGCATATGTAATACAAACATAGGTAGTAAATAGCAACAAATGTATACA
>HPV45_Alpha_397022_nt4081_Genome_Tile_rc|1
ATTATAGTAATTATTGTATGGTGTGTAAAGCATGCATATGTAATACAAACATAGGTAGTA
>HPV45_Alpha_397022_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TATGTTACACTGTACTGTACATTATAGTAATTATTGTATGGTGTGTAAAGCATGCATATG
>HPV45_Alpha_397022_nt4181_Genome_Tile_rc|1
ACCATGGTTTATTAAACATATAAAAATACAAAAATACAAAAATACAAAAATACAAAAATAC
>HPV45_Alpha_397022_nt5001_Genome_Tile_rc|1
ATCGGAATCAGGAACATTACTGGTAGGCTCAAAGGATAGTGTGGTGTCCAGGGGCTCATA
>HPV45_Alpha_397022_nt5261_Genome_Tile_rc|1
CTAGGTGTAGTGGACGCAGGAGGTGGGAAGTCTGCATATACATCAAACAGGTCACTATCA
>HPV45_Alpha_397022_nt5281_Genome_Tile_rc|1
TAAATGATTTGTGTATAGTGTCTAGGTGTAGTGGACGCAGGAGGTGGGAAGTCTGCATATA
>HPV45_Alpha_397022_nt5301_Genome_Tile_rc|1
CAAGGAATACTTTGGATATGTAAATGATTTGTGTATAGTGTCTAGGTGTAGTGGACGCAGG
>HPV45_Alpha_397022_nt5341_Genome_Tile_rc|1
TAACATTACTGTAAGAGGATGCAGCAGTAGAAGGCATGGTCAAGGAATACTTTGGATATG
>HPV45_Alpha_397022_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GTATATATAGGTACATCCCATGCAGATGTTAATGGTACTGTAACATTACTGTAAGAGGAT
>HPV45_Alpha_397022_nt5421_Genome_Tile_rc|1
CCACATAGGAGTATGGGATGGCAATATAATGTCCGGGCCAGTATATATAGGTACATCCCA
>HPV45_Alpha_397022_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TTGGTAGGAGATGTACTAGGCCACATAGGAGTATGGGATGGCAATATAATGTCCGGGCCA
>HPV45_Alpha_397022_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TATAGGTGGTGGTGGGAAGCATTGGTAGGAGATGTACTAGGCCACATAGGAGTATGGGATG
>HPV45_Alpha_397022_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTGCCATGAATACCTATATAGGTGGTGGTGGGAAGCATTGGTAGGAGATGTACTAGG
>HPV45_Alpha_397022_nt5521_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTTTAGGAAAATAATAATACCATGGCCATAAATAATATTGTGTGCCATGAATACCTA
>HPV45_Alpha_397022_nt5761_Genome_Tile_rc|1
ATACTGATATGCGGATACCTTAGGAACAGCCTGTTTATTACCTGCACCATTAGGTACAAC
>HPV45_Alpha_397022_nt6941_Genome_Tile_rc|1
GATCCAAATCGGAGGAAAATTTTTCCTTTAGGTCAACAGTCCAAAACCTTTAATTTATCAT
>HPV45_Alpha_397022_nt7161_Genome_Tile_rc|1
ATCACACAAATACATACATACATACAACATACAAAACCATACATACAAAACATACATATAT
>HPV45_Alpha_397022_nt7181_Genome_Tile_rc|1
CAAACAAAATACAGTAATATATCACACAAATACATACATACATACAACATACAAAACCAT
>HPV45_Alpha_397022_nt7241_Genome_Tile_rc|1
AATTATGTACAGTAACACCATACATGCCACAAGGCACATTTCATACATACACGCACGCAAA
>HPV45_Alpha_397022_nt7281_Genome_Tile_rc|1
ACCCTACACAACACTATTAGCATACTTTATTTAATACCACAATTATGTACAGTAACACCA
>HPV45_Alpha_397022_nt7301_Genome_Tile_rc|1
TTGTTACTCACAAGGGTGAACCCTACACAACACTATTAGCATACTTTATTTAATACCAC
>HPV45_Alpha_397022_nt7341_Genome_Tile_rc|1
AATATAGGGTACAAAGCAATACACATACACACAAATAGTATTGTACTCACAAGGGTGCA
>HPV45_Alpha_397022_nt7361_Genome_Tile_rc|1
TAAGTTGAAATACAGGAAAGAATATAGGGTACAAAGCAATACACATACACACAAATAGTA
>HPV45_Alpha_397022_nt7481_Genome_Tile_rc|1
ATGTGCCAGTTTAGGTATTATGTTTAAAAGGTCACATATAAGCCACAGGCAACCGAAATC
>HPV45_Alpha_397022_nt7501_Genome_Tile_rc|1
AAACTATGTAGGGGTTGTAAATGTGCCAGTTTAGGTATTATGTTTAAAAGGTCACATATA
>HPV45_Alpha_397022_nt7741_Genome_Tile_rc|1

TAAGTGAGTCAGTTTATAGTTTATGTAACAAGTAGACAGATTGTTGGATAAGAAAGTGGT
>HPV40_Alpha_397014_nt0181_Genome_Tile_rc|1
AGGCAAAGGCCAGTACCTCAGCTGTTTTTAGGACCGTCTTGCAAAACACACAATCAATTT
>HPV40_Alpha_397014_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TTGGTGCATAGGCTGCGTATCTAAAGTTTCTGTATTGGTTTACTTTTCCGTGCAGGTCCA
>HPV40_Alpha_397014_nt0721_Genome_Tile_rc|1
GAACAATGCACTGCTAAGCGCACCAAACACTGACAAAATACACACCGAGTTACTACTTTA
>HPV40_Alpha_397014_nt0741_Genome_Tile_rc|1
ACTGTGTTATATCAGTGATGGAACAATGCACTGCTAAGCGCACCAAACACTGACAAAATA
>HPV40_Alpha_397014_nt0921_Genome_Tile_rc|1
TCATCCTCATCTTCCGATACAGCATCCCCCGTTTGTATTCCACTACAGCTTCTACTACA
>HPV40_Alpha_397014_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TTAGTTCTACATGTTTCCTCTGCCACAACACTATTATCAATAAAATCTATCATATCAAATC
>HPV40_Alpha_397014_nt1341_Genome_Tile_rc|1
ACCTCTACTGCTTCCGCCTCATCTGTGGTCACCCCTCCACTACCCCCACGGTATCTTCC
>HPV40_Alpha_397014_nt1401_Genome_Tile_rc|1
AGCTCTATTAGTTGTGTGCGCGGACTACAGTGGTCTATAACATGACTGCCGTCTTCCACA
>HPV40_Alpha_397014_nt1481_Genome_Tile_rc|1
TTACCAGGTCTCCAAACCCCACTCCATAAAGCTCTTTAACTTACCATACAGCTTAGCAT
>HPV40_Alpha_397014_nt1581_Genome_Tile_rc|1
CTTTTCAGCAGTGTATGAAAGCCCTCGGCTATGGTGGGATTAACCCCGAACACAGCATAC
>HPV40_Alpha_397014_nt1621_Genome_Tile_rc|1
TTTGCATGACGTCCATTGGGTATGTAAATATAATGCCTGCCTTTTCAGCAGTGTATGAAA
>HPV40_Alpha_397014_nt1741_Genome_Tile_rc|1
AGGCGGTTGTACCAGTATCTGGTTGTCAGGTACATTTAACATTTTGGATAGCTGTCTAAC
>HPV40_Alpha_397014_nt2521_Genome_Tile_rc|1
TGTTATATTTATATTGGACGTTAACAGTAACGGAGGGCACTTAATTACTGCTAACGGTTT
>HPV40_Alpha_397014_nt2561_Genome_Tile_rc|1
CTTGAACCTACTTTGTAAATATTGGTACTTACTGTCCTGTGTTATATTTATATTGGACG
>HPV40_Alpha_397014_nt3321_Genome_Tile_rc|1
CAGTCTCAACAATGGGTAGTCCGTGTTCTCGATAGTACTAGGAGAACATATAACGTGTG
>HPV40_Alpha_397014_nt3341_Genome_Tile_rc|1
GGTCGGGGGTCTGGCGTCAGCAGTCTCAACAATGGGTAGTCCGTGTTCTCGATAGTACT
>HPV40_Alpha_397014_nt3481_Genome_Tile_rc|1
TACTCTCCTCCGAGTGATTTGCCACAGTAGTGGTGATGGGCAGGTGTCCGTTTCTTCGT
>HPV40_Alpha_397014_nt3501_Genome_Tile_rc|1
TTCTGTCTGCAGTGTCCACGTACTCTCTCCGAGTGATTTGCCACAGTAGTGGTGATGG
>HPV40_Alpha_397014_nt3661_Genome_Tile_rc|1
CATGTAGTTGAGGAATTACAAAATAAATGTGACACTTTTCCTAGTCTATATCTAAACAC
>HPV40_Alpha_397014_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TGGATTCACTGGTCCACCTCCATGTAGTTGAGGAATTACAAAATAAATGTGACACTTTTC
>HPV40_Alpha_397014_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TCAGTGTTAACATACCCAAGCTATGTTTTATTGTTTTTGGTATTTTTACAATAGCTAAGA
>HPV40_Alpha_397014_nt3821_Genome_Tile_rc|1
ACATATATACATATATTACATCAGTGTTAACATACCCAAGCTATGTTTTATTGTTTTTGG
>HPV40_Alpha_397014_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TGCTAGACAATACCCTTCACAGATGGTGTTCATATATATACATATATACATATATTACA
>HPV40_Alpha_397014_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TCAACAGTGCAATAAGTAAAAAACAATATAGACTACTAGTATGCCAAGCGTAGACTCTA
>HPV40_Alpha_397014_nt3981_Genome_Tile_rc|1
ATTAGGGACACACACAGATCAACAGTGCAATAAGTAAAAAACAATATAGACTACTAG
>HPV40_Alpha_397014_nt4001_Genome_Tile_rc|1
ATAGAGCTCCACACATACAGATTAGGGACACACACAGATCAACAGTGCAATAAGTAAA
>HPV40_Alpha_397014_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AAATGGAGATAGCAGACAGTATAGAGCTCCACACATACAGATTAGGGACACACACACAGA

>HPV40_Alpha_397014_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ACCCCATGTTACAAAGCACAAAATGGAGATAGCAGACAGTATAGAGCTCCACACATACAG
>HPV40_Alpha_397014_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TTAGTAATAGATGTTAGTGCACCCCATGTTACAAAGCACAAAATGGAGATAGCAGACAGT
>HPV40_Alpha_397014_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AGAGTATTAGGATAAACAGGTTAGTAATAGATGTTAGTGCACCCCATGTTACAAAGCACA
>HPV40_Alpha_397014_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ATAAATGTGTGAAGGACCACCGCAGGCAAATACCACACTAAGAGTATTAGGATAAACAGG
>HPV40_Alpha_397014_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GGTTCTGTATGTGATATATAATAAATGTGTGAAGGACCACCGCAGGCAAATACCACACTA
>HPV40_Alpha_397014_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CAGGTCAACATGTTACAATTGGTTCTGTATGTGATATATAATAAATGTGTGAAGGACCAC
>HPV40_Alpha_397014_nt4321_Genome_Tile_rc|1
GCTGTAATATAAAAAAATGTTTATTTACTACACAAAGTATTACTTGGTATACCTATATAA
>HPV40_Alpha_397014_nt4741_Genome_Tile_rc|1
AGGACGTTACTGAAAACCCACCCTCTGTTGGAATAGTAAGGGACGGGGCACCTGACTGAA
>HPV40_Alpha_397014_nt4841_Genome_Tile_rc|1
ACCGAGGGATCAGTAAAGACAGGATTGTGATGTGTGGTGGCTGTACATGCACGGTATTT
>HPV40_Alpha_397014_nt5021_Genome_Tile_rc|1
GCCTTACTGTACAGTCCCAACCTGGGCCGTCCAGACGTACCAGGAACGGGTGTACTGGAC
>HPV40_Alpha_397014_nt5421_Genome_Tile_rc|1
CAGGGCATCAGTAGTGTCCAGTGGTGTCTCTAGTGTATGTGGTGTCTCCAGTGTATGTGG
>HPV40_Alpha_397014_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CATCATCATCTATAGTATCCATGTCTGCATACACATCAAACAGGGCATCAGTAGTGTCCA
>HPV40_Alpha_397014_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TGAGAATGTAGCATATGCTGCATCATCATCTATAGTATCCATGTCTGCATACACATCAA
>HPV40_Alpha_397014_nt5541_Genome_Tile_rc|1
AGAAACCGTGGCAAGAGGTATGGATGTGTTAGATATACGAGTAGAATCGGCAGGATGTAA
>HPV40_Alpha_397014_nt5901_Genome_Tile_rc|1
GGCACTGAAATGTCACCATTGGGTTTTTTTAACTCAAAGTATGGATGTCCTATAGTCAGT
>HPV40_Alpha_397014_nt6141_Genome_Tile_rc|1
CTATCCTGCCCCGACCTGTGCCATAGGCAGATGAGTTTTCCACATCCTCATCCTTATTA
>HPV40_Alpha_397014_nt6301_Genome_Tile_rc|1
CTGAATAACCTCAGTTTTTTAATTCTAATACAGGACAGTCCCCAAGGGTTACCCGAGAAGC
>HPV40_Alpha_397014_nt6821_Genome_Tile_rc|1
CCTCCCCATGACGCAAATATTCCTTGAAATTACTGTTATTATATGGGGTTGGTGTGGGGG
>HPV40_Alpha_397014_nt6961_Genome_Tile_rc|1
CTCTAAGGATGCAGAGGCTGGAGGAGCAATTTTAAAGTTCCAATCCTCCAACAACGTAGG
>HPV40_Alpha_397014_nt7361_Genome_Tile_rc|1
ACCATACGGACACATACACAACAAACACAAAACATACACAACAATACATACATATTC
>HPV40_Alpha_397014_nt7421_Genome_Tile_rc|1
GCTTTATTAAACACACAACCAACGTTAGGTATACAGCATACAAACAATACATACACAGT
>HPV40_Alpha_397014_nt7521_Genome_Tile_rc|1
GTCGCGCAGTACAAAATGGAGGATTTAGACACAAAAGTACATGGTCAACACTGAACAAG
>HPV40_Alpha_397014_nt7781_Genome_Tile_rc|1
GTACTATGTTAACCACAAGTGTATGTTTGGCCAAAAGTCTATTAGCTAACTTTTTTATT
>HPV3_Alpha_397005_nt0081_Genome_Tile_rc|1
TTTTGGGCAGTTTGCATCCATAGACATGGCTACTGCCATGCATTATGTGCCTCCTTTTAT
>HPV3_Alpha_397005_nt1481_Genome_Tile_rc|1
ATCGCTACATACTGTTTTGTTACTTTTAAAGTGTCTAATCAGTTCATTAAATCCTAACCC
>HPV3_Alpha_397005_nt1561_Genome_Tile_rc|1
GCATATTCGCACTGTGGTTGTATTAGCGTCTTAAAGCTTTCTGCCAATGTACAGTATACA
>HPV3_Alpha_397005_nt2121_Genome_Tile_rc|1
GGTACCTTAAATACTGTACTATTGGTTTCCAATCGCCATCCCCCTGTATTTTATCTCCTC
>HPV3_Alpha_397005_nt2161_Genome_Tile_rc|1

GATTTTCAGAGCGCATAGAAATGGTATAAATTCTACGTCCTGGTACCTTAAATACTGTACT
>HPV3_Alpha_397005_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TTACATAAAAAGTTTTCTGTCTTCGTGCATGTAATATAGACCCTCATGAGACACCAGTC
>HPV3_Alpha_397005_nt3821_Genome_Tile_rc|1
AATTATGTGAACATTGACATGTGTCCAGTATCACTTGAATACCTGGTGGCACTTTTACG
>HPV3_Alpha_397005_nt3841_Genome_Tile_rc|1
ACTGTACAATGCGGGGACACAATTATGTGAACATTGACATGTGTCCAGTATCACTTGAA
>HPV3_Alpha_397005_nt4061_Genome_Tile_rc|1
CCATTGTTGTCTGTGAGTACCAGAGGATACATAGTAAAACCTATGTGTTATTCTGTACAA
>HPV3_Alpha_397005_nt4081_Genome_Tile_rc|1
CAAACAAGACAAGATGGTCGCCATTGTTGTCTGTGAGTACCAGAGGATACATAGTAAAAC
>HPV3_Alpha_397005_nt4101_Genome_Tile_rc|1
GTACACGTCTCCAGGCTCAACAAACAAGACAAGATGGTCGCCATTGTTGTCTGTGAGTAC
>HPV3_Alpha_397005_nt4121_Genome_Tile_rc|1
AACATAAACAGCAATAATATGTACACGTCTCCAGGCTCAACAAACAAGACAAGATGGTCG
>HPV3_Alpha_397005_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ACAATGTAAGTATGACAGCTAACATAAACAGCAATAATATGTACACGTCTCCAGGCTCAA
>HPV3_Alpha_397005_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CAGATGTCTATACATAATAAACAAATGTAAGTATGACAGCTAACATAAACAGCAATAATAT
>HPV3_Alpha_397005_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CTACAACCTTACAGGAGTCCAGATGTCTATACATAATAAACAAATGTAAGTATGACAGCT
>HPV3_Alpha_397005_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TACATACAGGTGACCTGCAACTACAACCTTACAGGAGTCCAGATGTCTATACATAATAA
>HPV3_Alpha_397005_nt4221_Genome_Tile_rc|1
GCATATACATCAAGGAAGAATACATACAGGTGACCTGCAACTACAACCTTACAGGAGTCC
>HPV3_Alpha_397005_nt4281_Genome_Tile_rc|1
TATTGAACTGTAAAAAAAACATAGCAGTATAAAAGACGGTGGTACAATACCACACTAGG
>HPV3_Alpha_397005_nt4701_Genome_Tile_rc|1
TAGTTGTGGCTGAAGAAATAACTTCGAATCCATCAGTACCAGTAAAGGTCGGTATGGTGG
>HPV3_Alpha_397005_nt4821_Genome_Tile_rc|1
AAACCTCACCATTCTGAGGAACCTCCAACAGGGAAGGTTCTGTAAAAGCTGGATTGCTAA
>HPV3_Alpha_397005_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GCTAATAAGTATGTGCCCTGAAACCTCACCATTCTGAGGAACCTCCAACAGGGAAGGTTT
>HPV3_Alpha_397005_nt4861_Genome_Tile_rc|1
TGTGTACCAGATGTGGGGGTGCTAATAAGTATGTGCCCTGAAACCTCACCATTCTGAGGA
>HPV3_Alpha_397005_nt5361_Genome_Tile_rc|1
CATACACATCATACAGAGAGTCATAGGCTGAGGCAGATGCAGGAGCAATCAAGGGTTCCA
>HPV3_Alpha_397005_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GGACACTGTAGCACGGCCTCTAGACAGAGTGTCACTACGACCTCCAGATGTAAAACCTAT
>HPV3_Alpha_397005_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GACAGAGTGGAGGACAGGGGGGACACTGTAGCACGGCCTCTAGACAGAGTGTCACTACGA
>HPV3_Alpha_397005_nt5901_Genome_Tile_rc|1
ATATTGAAAGGCGGACACCTTAGGAATATCCATCTTGAATTAGAAGATTTGGGGATAGC
>HPV3_Alpha_397005_nt6521_Genome_Tile_rc|1
TTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATACCAGCTCTGTTAAGAAAATGT
>HPV3_Alpha_397005_nt6541_Genome_Tile_rc|1
CGCCGCTCTGACTGTCACCTTTAATGTACAACGCGTCAGGCACGGTGTCTCCAGCCATAC
>HPV3_Alpha_397005_nt6561_Genome_Tile_rc|1
ACTACCAATTTTATCCCGACCGCTCTGACTGTCACCTTTAATGTACAACGCGTCAGG
>HPV3_Alpha_397005_nt6781_Genome_Tile_rc|1
ACTCTTTAAATTTAGTAGCATCATATGTAGCCGAGGTTTCAGTAGAAACACACAATGTCA
>HPV3_Alpha_397005_nt7101_Genome_Tile_rc|1
GAGAAATTTCTGCCAAGGGGGAAGTGCAGAAAGATCCAGGGAAAAACGATCCTTAAGATC
>HPV3_Alpha_397005_nt7121_Genome_Tile_rc|1
GTACCTACACCGAGCTGCATGAGAAATTTCTGCCAAGGGGGAAGTGCAGAAAGATCCAGG

>HPV3_Alpha_397005_nt7241_Genome_Tile_rc|1
TACACACAGGTTACACATACAAAACACAAATGTGGCTATTTTTTGGTGCCTTCCCTTTTT
>HPV3_Alpha_397005_nt7261_Genome_Tile_rc|1
CAGTACATACATAAAAAACATACACACAGGTTACACATACAAAACACAAATGTGGCTATTT
>HPV30_Alpha_396973_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TTTCAAATTTGAAAGCCATGGGTACACTGTCCGTTTGGTACAGTGCTTTTATATGTACCG
>HPV30_Alpha_396973_nt0141_Genome_Tile_rc|1
ACACTGTAGCTGTAGCTCCAGCAACGATGTTTCTTGTACCTCACAAAGATGGTGCACAGT
>HPV30_Alpha_396973_nt0301_Genome_Tile_rc|1
ACAATGAATAGTTGTAATGTCTAATCTTTCTTACTTTACTATAAAAATAATAAACAGAAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt0321_Genome_Tile_rc|1
TGCCACTAGGCTTGCCCCATACAATGAATAGTTGTAATGTCTAATCTTTCTTACTTTACT
>HPV30_Alpha_396973_nt0981_Genome_Tile_rc|1
GAAACCCATCTAAATCTGATGCTGTGCCCTCATCTTCTTCTGTTTCGTCCTCTGATATTA
>HPV30_Alpha_396973_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TATTACATTACTATTGTCTAGAAACCCATCTAAATCTGATGCTGTGCCCTCATCTTCTTC
>HPV30_Alpha_396973_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TTACTAGATTTTAATAATTCTTGTATTTGCTGTGGTGGCGTGGCGCCTATATCCATATCA
>HPV30_Alpha_396973_nt1421_Genome_Tile_rc|1
AAATAACTCTTTAAATTTATAACACAGCTTTGCCTGTACATTACTAGATTTTAATAATTC
>HPV30_Alpha_396973_nt1781_Genome_Tile_rc|1
CTCACCATATATGTCACTAATATTAGACATTGCAGTTTTGTAAAGTATAATGCAACGGC
>HPV30_Alpha_396973_nt3141_Genome_Tile_rc|1
ATATATACCTTTGTAATCTACTACAGAAGGCACCTTTAGTCCACCCATTGTCCCCACAGTA
>HPV30_Alpha_396973_nt3161_Genome_Tile_rc|1
TTGTTACCGTCATGTACATAATATATACCTTTGTAATCTACTACAGAAGGCACCTTTAGTC
>HPV30_Alpha_396973_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TAAAGTCTGTATAATATACCTTTGTTACCGTCATGTACATAATATATACCTTTGTAATCTA
>HPV30_Alpha_396973_nt3201_Genome_Tile_rc|1
ATACTTTACTGCCTCGTCATTAAAGTCTGTATAATATACCTTTGTTACCGTCATGTACATA
>HPV30_Alpha_396973_nt3521_Genome_Tile_rc|1
GTAGCTCCACCAAGGCACTGTCTGTTGTTTGTGTTGTTTGTGTTGACACGGTTTGCCTGG
>HPV30_Alpha_396973_nt3541_Genome_Tile_rc|1
CGACTTCTGTGTTGTAACATGTAGCTCCACCAAGGCACGTGCTGTTGTTTGTGTTGTTTG
>HPV30_Alpha_396973_nt3661_Genome_Tile_rc|1
GATATGTAGACGATATATTTACAAATAGGTGCTTATGTTTTTGACACCTATATCTTAAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt3701_Genome_Tile_rc|1
ACAGTAATGTAGCTGTACTCTGTATGTGTATTGGTCCAATGATATGTAGACGATATATTT
>HPV30_Alpha_396973_nt3721_Genome_Tile_rc|1
GGGTCTCATCTTTATATACAACAGTAATGTAGCTGTACTCTGTATGTGTATTGGTCCAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt3741_Genome_Tile_rc|1
ATTTAAAAAGTTGGCACGCTGGGTCTCATCTTTATATACAACAGTAATGTAGCTGTACTC
>HPV30_Alpha_396973_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TTTACATGTGGAATACAATATTACATGTTTGTGTACCAATTACAACATATGTGTTGTTA
>HPV30_Alpha_396973_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ATATAAAAAAACAGCAAAAATATAGTAAATGCAGTAATGTAGGACGATGCAACAACAAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt4141_Genome_Tile_rc|1
CATATACAAGTAATAAAGGTATATAAAAAAACAGCAAAAATATAGTAAATGCAGTAATGT
>HPV30_Alpha_396973_nt4481_Genome_Tile_rc|1
AGCAGGGGATGCGTCCACAACCTGTTGTAGGCCGTGTACCTAACGGAACATAACCAGCAG
>HPV30_Alpha_396973_nt4981_Genome_Tile_rc|1
GGATTATCCACAGTAATTAATGTTTCAGGTTTGGTAAGGAATGTGGGGTCAGTGACCTTT
>HPV30_Alpha_396973_nt5421_Genome_Tile_rc|1
AAATAGGAACATCCCAATATTTACCCAAAGGTATAGTAACATTGGTAGTTTGACTACTAA
>HPV30_Alpha_396973_nt5441_Genome_Tile_rc|1

TACTATATCGGGGCCCCGAATAAATAGGAACATCCCAATATTTACCCAAAGGTATAGTAAC
>HPV30_Alpha_396973_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GTGGTAGGACCAGTAGGCAATACTATATCGGGGCCCCGAATAAATAGGAACATCCCAATAT
>HPV30_Alpha_396973_nt5481_Genome_Tile_rc|1
CCTGAGGGGCATAGGGCCATGTGGTAGGACCAGTAGGCAATACTATATCGGGGCCCCGAAT
>HPV30_Alpha_396973_nt5501_Genome_Tile_rc|1
ATGTGTAGTGTCAAATGGGGCCTGAGGGGCATAGGGCCATGTGGTAGGACCAGTAGGCAA
>HPV30_Alpha_396973_nt7101_Genome_Tile_rc|1
CAATCACCGCCGCTTGCGTTTGGCTGATGGTGTAGAGGTAGAGGAACTGGGGGCCGAGCG
>HPV30_Alpha_396973_nt7161_Genome_Tile_rc|1
TCCATACAAAAACATACATTTCATGCACAATAAATAGTAAGGAAACATACACAGACACAAA
>HPV30_Alpha_396973_nt7201_Genome_Tile_rc|1
ATACATACAGTCATACAGAAACATATAAAACAAAACATACATCCATACAAAAACATACATT
>HPV30_Alpha_396973_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TAATATAAATATAAAAAAGTAACTGCACAGTGGTGTGCAACAACCAAAAAAGGGTGGAGGAC
>HPV30_Alpha_396973_nt7421_Genome_Tile_rc|1
GAGGGCACAAATGCATAAAATGGACACTACTGTGGTGGTATAATATAAATATAAAAAAGTA
>HPV30_Alpha_396973_nt7441_Genome_Tile_rc|1
ATCGGTTGAAAGGTAAAATGGAGGGCACAAATGCATAAAATGGACACTACTGTGGTGGTA
>HPV30_Alpha_396973_nt7561_Genome_Tile_rc|1
ACGTTGCAAAAAAACAATAAAGTGCAGGAAACGGCACCATGCCAGTGGATTAAAGTGTTT
>HPV27_Alpha_396964_nt0001_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTCGGTTACACCCTATTTTTTAAATAAAGGATTATAGTTATATATTATAAACACATA
>HPV27_Alpha_396964_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AAAACATATATATACAGGTTAGCAGCAAAATGGTGGCGATATGTCACAATTATTGTAAAAAC
>HPV27_Alpha_396964_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CCAATGAGGGTGAGAATCACCAACAGACAGTCAATATCATCACGACCCCAATATCACA
>HPV27_Alpha_396964_nt4221_Genome_Tile_rc|1
AAAACAACAACAATAATAAGCCAATGAGGGTGAGAATCACCAACAGACAGTCAATATCAT
>HPV27_Alpha_396964_nt4281_Genome_Tile_rc|1
AAAAGAGATAATGTATCAAAAGGGGTGAGGGGTGTTAGGTGTGTTGGATCAAACGGACAT
>HPV27_Alpha_396964_nt4601_Genome_Tile_rc|1
ACAACAGGTGGCTTGGGTGCCACACCAATATCAACCACAGTGGTCGGCCTGGTACCTACA
>HPV27_Alpha_396964_nt5481_Genome_Tile_rc|1
AGATGCAGAGGAGGCAGATACCGTGGTATTAGCCAGGGAGCCGCGAGGGGCTGGGTAGTA
>HPV27_Alpha_396964_nt5901_Genome_Tile_rc|1
GACACCTTAGGCACTGCCAACCTATTATTGCTACCCTTCTTTATAGAATAATATGGGTGG
>HPV27_Alpha_396964_nt5921_Genome_Tile_rc|1
ATACACGGTATTGGTAGCCGGACACCTTAGGCACTGCCAACCTATTATTGCTACCCTTCT
>HPV27_Alpha_396964_nt6761_Genome_Tile_rc|1
CTTTATAATTAGTATTATCAGACACCTCAGCTGCACACAGAGAGACATTGGTACTCCGTG
>HPV27_Alpha_396964_nt7221_Genome_Tile_rc|1
AGGTAGACAGAGGAAATTATCGAGACACTCACACGTAACGCCTCACCCGTTTGCGTTTAC
>HPV27_Alpha_396964_nt7241_Genome_Tile_rc|1
AACACCAAATATTATGTAAAAGGTAGACAGAGGAAATTATCGAGACACTCACACGTAACG
>HPV27_Alpha_396964_nt7261_Genome_Tile_rc|1
ACACAAACATAAGCACAAACAACACCAAATATTATGTAAAAGGTAGACAGAGGAAATTAT
>HPV27_Alpha_396964_nt7281_Genome_Tile_rc|1
TAACATACGTACAAACAACAACAACAATAAGCACAAACAACCAAAATATTATGTAAA
>HPV25_Beta_396948_nt0001_Genome_Tile_rc|1
CAGCAACAAGTACGAATGAGTAATAATTTAACCGCGCCCGTATCAATAGACTTACCGTTA
>HPV25_Beta_396948_nt0201_Genome_Tile_rc|1
GCTGTATAACCTGCGCTTGCTCTGGTGGTCCTATGCTCTGTTTCAGCATTTGCAGTTGCCA
>HPV25_Beta_396948_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CAAACATAAGTCTTTTCTCATCAAACCTCACAGATCTCTAAATATGTTAGAAAAGTTGCCACA

>HPV25_Beta_396948_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TGTAACGTCTTCAATTTCCCTACCTGTTACAGTGCTTTCGTAAATTCATTAAATTCAAA
>HPV25_Beta_396948_nt1801_Genome_Tile_rc|1
TTGGTGGGCTATCCAATCTGGATATGAGCCATATGTAAATACTCCGGAACCCATTGATCC
>HPV25_Beta_396948_nt2101_Genome_Tile_rc|1
AATGGTGGACCATTGACCCTCTCCTTCCACTTCATGAATTTTAGTATAAATCCATTTCAGA
>HPV25_Beta_396948_nt2121_Genome_Tile_rc|1
TGATACCTTAAAAATTGTACAATGGTGGACCATTGACCCTCTCCTTCCACTTCATGAATT
>HPV25_Beta_396948_nt2141_Genome_Tile_rc|1
ACATTATAAAGTTGACTTGCTGATACCTTAAAAATTGTACAATGGTGGACCATTGACCCT
>HPV25_Beta_396948_nt2281_Genome_Tile_rc|1
ACAGAATGATAATACCCTACCCTTTAACTACTTTTATCAATGACATAGTAAAAGCTGATTT
>HPV25_Beta_396948_nt2481_Genome_Tile_rc|1
TTTATATTGGATGTAAGCAATAGTGCAGGAAATTTTGTCTGCATTGGTGCCTTGTGTTTA
>HPV25_Beta_396948_nt4521_Genome_Tile_rc|1
TAAAGAAGGTCTAATAACCGTGGGGGTTCACCAACACGTATCGGACCTTCTCCCAAAGG
>HPV25_Beta_396948_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CCTCTAGAAGTTGTTGTACCGGGGTGTCACTGGAGGGTACAACAGGCCAGGATGTATT
>HPV25_Beta_396948_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CTGTCAGGAGGCTCCTGAAAATCATTAAATCCTGCTCAAAAATTTGTGTAACCTTCGTCC
>HPV25_Beta_396948_nt5661_Genome_Tile_rc|1
CACATAGTATCCCTGAATATCTTGGGTATAATATGATGCAGAGCGTGTAGTTTCAACACG
>HPV25_Beta_396948_nt5681_Genome_Tile_rc|1
TCTCTATCCTCAGGATAGGACACATAGTATCCCTGAATATCTTGGGTATAATATGATGCA
>HPV25_Beta_396948_nt6041_Genome_Tile_rc|1
TGTTGATTTCTTGACACTTTTGGAAATTTGCAATTTAGAGCCTTGGACGTTGTACACATTA
>HPV25_Beta_396948_nt6741_Genome_Tile_rc|1
ATACATTGAGTTACCTAGATTATTATATTGAGCCTGACTACTGTTAGGTGGTATGTAAAA
>HPV25_Beta_396948_nt6981_Genome_Tile_rc|1
TACATGTCTCAAATATTCTGTAAATTTTGTGAGAATTATAATCAGTGATTTTGGAAACATC
>HPV25_Beta_396948_nt7041_Genome_Tile_rc|1
TATTTCTGCCTTCAACGGTACTTTGCAAAGTTGTAATATTAATGATAACTCATATTCTTC
>HPV25_Beta_396948_nt7181_Genome_Tile_rc|1
GGAGGATTTTATCTGGACAACGTGTGGCTAAAGAATCAATGTAGCGATAAGTATCCTGA
>HPV25_Beta_396948_nt7381_Genome_Tile_rc|1
AATTTTTACGTTTTCTTTTTATTCCCCTAGTAGATATTTCGGGAGGAACTGTTTTTGTAC
>HPV25_Beta_396948_nt7561_Genome_Tile_rc|1
TAAAGACGATACGCATCTGGCGAGCAGCTGCCTGAGTTTGGCACAGACTGTATCTGATTT
>HPV19_Beta_396940_nt0181_Genome_Tile_rc|1
ACAATTTCTATCTCTTCTCTGTAGCCTGTGCGTTAGCCATAAGTTTGCAGCTGCAAAAT
>HPV19_Beta_396940_nt0201_Genome_Tile_rc|1
GTGCAGTAGTTCCCTCTTCTACAATTTCTATCTCTTCTTCTGTAGCCTGTGCGTTAGCCA
>HPV19_Beta_396940_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TAAACAGTCATCCAACGGTATTTCTAGCAATGCTGCTAATCCAGCAATTGTTGCTGGTAA
>HPV19_Beta_396940_nt0321_Genome_Tile_rc|1
CTAAATGTGATAAAAACCTTGCCACAGAAATTACAAGGCACTAAACAGTCATCCAACGGTA
>HPV19_Beta_396940_nt0341_Genome_Tile_rc|1
ATCATCAAATTCGCACGCTTCTAAATGTGATAAAAACCTTGCCACAGAAATTACAAGGCAC
>HPV19_Beta_396940_nt1801_Genome_Tile_rc|1
ATCTGGGTATGGACCATAAGTAAACCTCCAGATCCCATACAGCCCTTATACCAAATAA
>HPV19_Beta_396940_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TGCTCCCTCTTGATCGCAAGGAGGTTGTGGAGGAAGTGGCTGAGGGTGACCTGGAGGATT
>HPV19_Beta_396940_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CGTTTGGTGTGGTGGGGGATGGTGACTCTCTGGATCGTTTCCCTCTCCCCCTACTGCGC
>HPV19_Beta_396940_nt4121_Genome_Tile_rc|1

AGGATACCTTACTGTATCATCAAAGTGCTTTCGTTGATTAAAGGAGACAAAACCTAATGAG
>HPV19_Beta_396940_nt4141_Genome_Tile_rc|1
AACGATCGGTCCACACCTTTAGGATACCTTACTGTATCATCAAAGTGCTTTCGTTGATTAA
>HPV19_Beta_396940_nt4481_Genome_Tile_rc|1
TCACCGTTGCAGTACCACCAACACGTACTGGACCCTCCCCCAAAGGCACGTAACCAGTTG
>HPV19_Beta_396940_nt4681_Genome_Tile_rc|1
GGTCACTGGGGTATCTGTTGAGGGTATACTAGGTGTAGGGTGCACCTCTGCAATGGTTTC
>HPV19_Beta_396940_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TACTTGTGTACTAAACGCCTATTTGTTAATCCTCCCCTTCGCCTAAATGCAGTTCTAAG
>HPV19_Beta_396940_nt5081_Genome_Tile_rc|1
ACCTTGAAGGCTGAGTTAAGAATATGGGATCATCTACAGCTACTTGTGTACTAAACGCC
>HPV19_Beta_396940_nt5101_Genome_Tile_rc|1
ATCAAAGTGAAGAAAGAACTAACCTTGAAGGCTGAGTTAAGAATATGGGATCATCTACAGC
>HPV19_Beta_396940_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CTAAAGTTTGCACATCCAAAAATCCCTATTAGGTGGCTCCCGAAAAATTATCTAAATCTT
>HPV19_Beta_396940_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TTTGGCCTAGGCGACTAACTCTGATGTAACCAGATGGTGTCTCTGAATATTGTGGCCTAC
>HPV19_Beta_396940_nt5441_Genome_Tile_rc|1
CATCAATATTAATATTTATAAATGTGCTTCTGTATTACCTTGAAGCTATTGAAGCGTCAC
>HPV19_Beta_396940_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ACTAAAGTCTTCTGTGCTTCATCTAAAAGCAAATCTTCTGAGTTAGCAGTAATACTATA
>HPV19_Beta_396940_nt5561_Genome_Tile_rc|1
TGGAAGTAGAACGGCGCCCACTAACTGTGACCCACTAAAGTCTTCTGTGCTT
>HPV19_Beta_396940_nt5581_Genome_Tile_rc|1
AAATTGGGGAAGTGTATATGTGGAAGTAGAACGGCGCCCACTAACTGTGACCC
>HPV19_Beta_396940_nt5601_Genome_Tile_rc|1
GATCCAGACCTTGTAGTTTCAAATTGGGGAAGTGTATATGTGGAAGTAGAACGGCGCCCA
>HPV19_Beta_396940_nt5801_Genome_Tile_rc|1
CTGCAAAAGAAAATTATAAATATTTACGTTTTCGTTTGAATCGCTTGCGAAGGCTGGGAT
>HPV19_Beta_396940_nt6001_Genome_Tile_rc|1
GAAACTTTTGAATTTCTAATTTTGTATCCTGCAACATTATAAACATTAAAAATATGGGTGA
>HPV19_Beta_396940_nt6361_Genome_Tile_rc|1
GGAGGACAGGATCCCTGAGGAATATCTTGCTCAGCACATGGTAATGCTTTATCCCAGTGT
>HPV19_Beta_396940_nt6381_Genome_Tile_rc|1
CTGAGTTAATTAATCTATAGGAGGACAGGATCCCTGAGGAATATCTTGCTCAGCACATG
>HPV19_Beta_396940_nt6701_Genome_Tile_rc|1
TCCTAAATTAGTATATTGTTGCTGACTATTGTTAGGAGGTATGTAGTATGTATTTTTCAT
>HPV19_Beta_396940_nt7361_Genome_Tile_rc|1
ACAAATTTAATTTTTACGCTTTCTTTTAGTTCCCTCTGCTGGAGACCCGTGAAGATATAGT
>HPV19_Beta_396940_nt7541_Genome_Tile_rc|1
GTGTTAAAAACAACGAAGATCAGATCTGGCCAGCTGCTGTGCCTGATGCGGCTCAGACTGT
>HPV19_Beta_396940_nt7621_Genome_Tile_rc|1
CGGTCCCTTACCTTTGCCAAGTGCAGTGCCAAAAGAGATTGGCAAGATTATGATTCCATTG
>HPV17_Beta_396932_nt0201_Genome_Tile_rc|1
CTAATGGAATACACAAGGTATCAGCAAGCTCCCTCACTGTTTGAGGTTTGGCCTATCCA
>HPV17_Beta_396932_nt0221_Genome_Tile_rc|1
GCAAGGTAATAAAATATCCACTAATGGAATACACAAGGTATCAGCAAGCTCCCTCACTGT
>HPV17_Beta_396932_nt0241_Genome_Tile_rc|1
AAAAACCTATTACAAAATCTGCAAGGTAATAAAATATCCACTAATGGAATACACAAGGTA
>HPV17_Beta_396932_nt0261_Genome_Tile_rc|1
CCACCAATTCTATGTAAGCTAAAAACCTATTACAAAATCTGCAAGGTAATAAAATATCCA
>HPV17_Beta_396932_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TCTTCAGTCCAAATTAAGTCAAAACCTTTTAAATCAAACGCCACCAATTCTATGTAAGCT
>HPV17_Beta_396932_nt0421_Genome_Tile_rc|1
ATTGGCTTGTGCTCTATTTCTCTAACTCCCTTCCACTCACTGATTGTTCAATAAACTTA

>HPV17_Beta_396932_nt1621_Genome_Tile_rc|1
GCTACTTGCAGAATATTCATAAGCAATCGTGATACAGTTTCCCTACTTTTCCGACATTA
>HPV17_Beta_396932_nt1641_Genome_Tile_rc|1
CTGCTAACATTTGTACCTCTGCTACTTGCAGAATATTCATAAGCAATCGTGATACAGTTT
>HPV17_Beta_396932_nt1801_Genome_Tile_rc|1
ATGGTAGATAGATCGAATTGTGTTGCCTGTGCTGTTTGATGATTAATCATAGTTTGTGTT
>HPV17_Beta_396932_nt2021_Genome_Tile_rc|1
AACAACTAATAATTTTCTATGTACCCACGTAGAAATGCTCATTTCCCTTCATTTCTCCACG
>HPV17_Beta_396932_nt2101_Genome_Tile_rc|1
AATATATCTAAAAACCTAATAAAATTAATGTCCTGATATCTAATAAAATTTACTATATCA
>HPV17_Beta_396932_nt2741_Genome_Tile_rc|1
AACAGTACTTGTTCCTGTCTTAATAATTGCCAGTGTTTTATTTGAGTCTCTATATCTTCT
>HPV17_Beta_396932_nt2761_Genome_Tile_rc|1
CATTTTTTCTGGCATAGTAAACAGTACTTGTTCCTGTCTTAATAATTGCCAGTGTTTTTA
>HPV17_Beta_396932_nt3061_Genome_Tile_rc|1
CAACTTTATTCAGGTGTCATCTAAATTTTGGTAATAAATAAATGACCACACTGTATATG
>HPV17_Beta_396932_nt3801_Genome_Tile_rc|1
AACTAAACTGCCATATCGCTTTTTTGCTCTATATCGAAAGCATTTTCAGTTTGTTAGCTTC
>HPV17_Beta_396932_nt3821_Genome_Tile_rc|1
CATGTAGTGCTGTAATATTTAACTAACTGCCATATCGCTTTTTTGCTCTATATCGAAAG
>HPV17_Beta_396932_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TATTTGCACCCACCCATGACCATGTAGTGCTGTAATATTTAACTAACTGCCATATCGCT
>HPV17_Beta_396932_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TCTACCTATTCTGTCAATTAGTATTTGCACCCACCCATGACCATGTAGTGCTGTAATATTT
>HPV17_Beta_396932_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AATGCTAGTAACATTCTTGATCTACCTATTCTGTCATTAGTATTTGCACCCACCCATGAC
>HPV17_Beta_396932_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CTCTTTCATCATATGTGTTAAATGCTAGTAACATTCTTGATCTACCTATTCTGTCATTAG
>HPV17_Beta_396932_nt3921_Genome_Tile_rc|1
CATTTTTTGGATAAACAATTCTCTTTCATCATATGTGTTAAATGCTAGTAACATTCTTGA
>HPV17_Beta_396932_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CAAGGTTAGTAATGTTAAAAAGTAATGCCTATAAATCATCTAGATGTCCTAGTGACCAA
>HPV17_Beta_396932_nt4701_Genome_Tile_rc|1
GGAACCTCCTATGTTTTGTCCACCAAACCTTCGAACACTAAAACATGATCCGCCATAGC
>HPV17_Beta_396932_nt4721_Genome_Tile_rc|1
GTATCAATGGCTGCATTCCCTGGAACCTCCTATGTTTTGTCCACCAAACCTTCGAACACT
>HPV17_Beta_396932_nt4741_Genome_Tile_rc|1
TTTCAAAGCTCTCCTGTGCTGTATCAATGGCTGCATTCCCTGGAACCTCCTATGTTTTGTC
>HPV17_Beta_396932_nt4841_Genome_Tile_rc|1
AAGCTTGATAGTGATTCTACTGCACGTTGAACTGGAGTACTTGTTCTAGGAGGTGTGCCT
>HPV17_Beta_396932_nt4881_Genome_Tile_rc|1
AACTTGTTTCAGTCAATCGTCTATTGTATAAAGCTCTTCTTAAGCTTGATAGTGATTCTAC
>HPV17_Beta_396932_nt5121_Genome_Tile_rc|1
GCGAGTACGAATGCTGGCTCTTCTACCTAGTCTACTGACTCGTAAATAACCCTGAGGTGT
>HPV17_Beta_396932_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GCCAGTGGTGATTCTTGGATGCCTACATTCAAAGGCCCTGGTTCATCAATATTAATGTCT
>HPV17_Beta_396932_nt5341_Genome_Tile_rc|1
AATCTTCTTCTATAGTGTACGCCAGTGGTGATTCTTGGATGCCTACATTCAAAGGCCCTG
>HPV17_Beta_396932_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TAACAAATCTGCAGAATTGAAATCTTCTTCTATAGTGTACGCCAGTGGTGATTCTTGGAT
>HPV17_Beta_396932_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TCATCTACAGCATCTTCCAGTAACAAATCTGCAGAATTGAAATCTTCTTCTATAGTGTCA
>HPV17_Beta_396932_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TAGGTGTTTTCAAACCGGGGACAGTTACAGATGTTGTGCTGCGCGAGGATTGCCAAATA
>HPV17_Beta_396932_nt5521_Genome_Tile_rc|1

GTGACTCTGGATATGCTACTGTGTATCCCTGAGTGTTCATGTATGTAAAAGCCAGTGTCCC
>HPV17_Beta_396932_nt6221_Genome_Tile_rc|1
CACAGGCCTGTTTGATTGTTTTGTTTCATTTTCACATACAGGAGCCCTGTCCCAATGTTCT
>HPV17_Beta_396932_nt6241_Genome_Tile_rc|1
TTTTTAATTCCAATGGTGGACACAGGCCCTGTTTGATTGTTTTGTTTCATTTTCACATACAG
>HPV17_Beta_396932_nt7101_Genome_Tile_rc|1
AAATTTTCGTCTTAGGGGATACTGATCTAAATCTAATGATAATTTCTCAGTAAGATTTAC
>HPV15_Beta_396924_nt0281_Genome_Tile_rc|1
CAGACCTTTACGATTCAAACCTTACTAATTCTATATATGTTAAAAATCTCTGACAAAATCT
>HPV15_Beta_396924_nt0421_Genome_Tile_rc|1
ACAGGCTTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAACTACACACCGACTGTTCAATAAAGTTA
>HPV15_Beta_396924_nt0441_Genome_Tile_rc|1
AGCGAATAATAATATCTCCAACAGGCTTCTGTTCTACTATCTCTATTTCCCAACTACACA
>HPV15_Beta_396924_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TTTCTTCAGACAAAATTTGCAGCGAATAATAATATCTCCAACAGGCTTCTGTTCTACTAT
>HPV15_Beta_396924_nt1601_Genome_Tile_rc|1
TATTTTCAGATACTTGTAACAAATTCGTAAGTAATCTTAATACTGTTTCTCTACTTTTACC
>HPV15_Beta_396924_nt2101_Genome_Tile_rc|1
TTAGGAGTATTATGTAAAAAGCTTTTAAATGAATCTAAAAATTTGTATAAAATTTATATCT
>HPV15_Beta_396924_nt2441_Genome_Tile_rc|1
TCTACTGCGTAAATATTTATACCTTTCTTCTTCATGATATCAATGTTAGAAGTTAGCAT
>HPV15_Beta_396924_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TTTTTCCTTCCACCTTGTTCCATGTGTCTCTAAAGTCTGGTAATAAATGTATGTCCAAAC
>HPV15_Beta_396924_nt3081_Genome_Tile_rc|1
TAAGAGTTCCCTTCCAAATAATATGCGCCATGATAGTCAATTTTTCTTCCACCTTGTTCC
>HPV15_Beta_396924_nt3901_Genome_Tile_rc|1
ATTTTGATAAAGAGCTCTCTTTTCGGTGTGGAAGAGAATGCCAGTAACAATCGTGAGCGT
>HPV15_Beta_396924_nt3921_Genome_Tile_rc|1
CGCCTGGTGGCAGTTTCATTATTTTGATAAAGAGCTCTCTTTTCGGTGTGGAAGAGAATG
>HPV15_Beta_396924_nt4001_Genome_Tile_rc|1
AGCAATAAAAAAACTACTGTTAGTTGATTAAAAAGCACAAAAATCATAAATCATCTAA
>HPV15_Beta_396924_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TAGGTGATTCAAATCTAGGTACTGTATATGTTGTAGTGCTGCGCCGTGATTGCCAAACA
>HPV15_Beta_396924_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TATGTAAACCCAGTATTTCTAGGTGATTCAAATCTAGGTACTGTATATGTTGTAGTGCT
>HPV15_Beta_396924_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TTATACCCATGCACATCTTGATGTAAAACCCAGTATTTCTAGGTGATTCAAATCTAGGT
>HPV15_Beta_396924_nt6041_Genome_Tile_rc|1
TTATTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAAGGATGGCCTGAAGTACCAACTCCTAAT
>HPV15_Beta_396924_nt6061_Genome_Tile_rc|1
AGTTGCCTTGATAATTACTGTTATTCTCTGTATCTTTTACTTTGTTGAATAAAGGATGGC
>HPV15_Beta_396924_nt6321_Genome_Tile_rc|1
CACTATATCCAGACTCACATCTGACTTAGTAAGTGAAGGCCTTGTTATTAATGTTACC
>HPV15_Beta_396924_nt6561_Genome_Tile_rc|1
ACTAACTGTGGGAAAGTAAGTAGAATTTGCTAAGTTATTTTGTTGTTGGGTTGATTGTGC
>HPV15_Beta_396924_nt6721_Genome_Tile_rc|1
CATCAGAGGTAACTAATAAGTAAATTTGTATTTCCTTGTTGTTATCTGCAACAGTAATAA
>HPV15_Beta_396924_nt6741_Genome_Tile_rc|1
ATATTCAATTATGGCATTACCATCAGAGGTAACACTAATAGTAAAAATTTGTATTCCTTGT
>HPV14D_Beta_396918_nt0161_Genome_Tile_rc|1
CTGTTGAAGAGTCAGTTGTCGCCATGAGTCTGCATTCTCTGTTTTTCTGTAGTATATAT
>HPV14D_Beta_396918_nt0261_Genome_Tile_rc|1
CCAAATATAGTTGCAGGTAATGGTGGCTCTATAAAGAAGATTTGGTTTCTGTGCTATCA
>HPV14D_Beta_396918_nt2181_Genome_Tile_rc|1
CTAAAGAAACATAATGACCATCAAGGCCATTCTCAAATAAGTGTCCATATACAACCAAC

>HPV14D_Beta_396918_nt3941_Genome_Tile_rc|1
AAAAATGCAATAAATGTTAGATGTTAGTAGCAAGCTATTATGTTAGTATGTTAGGGGTGT
>HPV14D_Beta_396918_nt3961_Genome_Tile_rc|1
AAATAATGCAAACAAAAAGCAAAAATGCAATAAATGTTAGATGTTAGTAGCAAGCTATTA
>HPV14D_Beta_396918_nt4741_Genome_Tile_rc|1
ATAGCTGTCTGTATCCTTTGTAATGGGGTACTAGTTCTTCTAGGGGGTGTGTTGTTCTTCG
>HPV14D_Beta_396918_nt4761_Genome_Tile_rc|1
TAAGCCCCACCCCTCCTTCTTATAGCTGTCTGTATCCTTTGTAATGGGGTACTAGTTCTTC
>HPV14D_Beta_396918_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TTGGACTAAGCGCCTATTTGTAAGCCCCACCCCTCCTTCTTATAGCTGTCTGTATCCTTTG
>HPV14D_Beta_396918_nt4821_Genome_Tile_rc|1
ATGGTCTTGTAAATAAGGGGTTTTCTACAGAACTTGTTGGACTAAGCGCCTATTTG
>HPV14D_Beta_396918_nt4841_Genome_Tile_rc|1
CTGAAATGCACTAGTCTAGATGGTCTTGTTAAATAAGGGGTTTTCTACAGAACTTG
>HPV14D_Beta_396918_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TTGTATCCTGTGCATAATATGACCCAGATCTGGTTGTTTCAAACGAGGGACGGTATATG
>HPV14D_Beta_396918_nt5981_Genome_Tile_rc|1
TCTGTCAATCAGTGGAGTTAGCTTGTTCCTGTATGAGTTGGGATTTTCTGTATCACCAC
>HPV14D_Beta_396918_nt7101_Genome_Tile_rc|1
TCTAATTCTTGCCTTTTCGTTTAATACCTTGATGGATCCCCTAGTCGAACTGTTTTTG
>HPV14D_Beta_396918_nt7301_Genome_Tile_rc|1
GATGTAGCTTGATCCAACGCGGCTCGCGCTGTATCTGATCTGGCGCAAACCTGAGTTGGC
>HPV14D_Beta_396918_nt7321_Genome_Tile_rc|1
AGTCTTTTGCCTGTTTCAGACGATGTAGCTTGATCCAACGCGGCTCGCGCTGTATCTGATC
>HPV14D_Beta_396918_nt7361_Genome_Tile_rc|1
AAATTCGAACACAATAGACTGGCACACTTACATTCCTTGAGTCTTTTGCCTGTTTCAGAC
>HPV12_Beta_396910_nt0281_Genome_Tile_rc|1
ATCTAAGAACTTCCGCAAAAATTGCAAGGTACCAAACAGTCAACTAAAGGTATATCTAA
>HPV12_Beta_396910_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TATCTAAAAATGACAAGCACGTCTGACACCTTATCTTTAAGTCAAATATAGATTTTCCAG
>HPV12_Beta_396910_nt1901_Genome_Tile_rc|1
ATTGATAAGCTATATCTGGTTCTTCTAAGTAATTATTATCGAAGGCCCATTTGGACCATGG
>HPV12_Beta_396910_nt2441_Genome_Tile_rc|1
ACTTAATTTGTACGGGCGCTTTATATTTACAATCTAAAGAAACAAAATGGCCGTCTAAGC
>HPV12_Beta_396910_nt4221_Genome_Tile_rc|1
GCCATAGCAATAATAAAAACGTAAAAATAAATGTAAAAAAATTGTTAGTGTGGTTAGTAG
>HPV12_Beta_396910_nt4441_Genome_Tile_rc|1
CCCTTCAGGTAGAGGTCTGTATCCAGTGACACCTCCAGTACCGCGACCGGTACCAATACC
>HPV12_Beta_396910_nt4461_Genome_Tile_rc|1
CCTCCAACACGGATACCGGGCCCTTCAGGTAGAGGTCTGTATCCAGTGACACCTCCAGTA
>HPV12_Beta_396910_nt4601_Genome_Tile_rc|1
GTAGATCAGTTGCTGAGGATTCAAGTAAATGGAACACCGAGGAAGCAGTGGGCTCCACAG
>HPV12_Beta_396910_nt4681_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTACACAACAGGTGAATCAATCGTAGGGCCCTCTGAAACAGGATTAATCTCAGCTAT
>HPV12_Beta_396910_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TTCTATTTGTTAGGGACACTCCTCTACGTCGGCCAGTGGTTTGTGTCCCTCTGAAGTGGAG
>HPV12_Beta_396910_nt5061_Genome_Tile_rc|1
ATAAATAAAGGATTATCAACTTGCACTTGTGTACTAGCCTTCTATTTGTTAGGGACACT
>HPV12_Beta_396910_nt5081_Genome_Tile_rc|1
CTAACTTAGAAGGTTTATCTATAAATAAAGGATTATCAACTTGCACTTGTGTACTAGCC
>HPV12_Beta_396910_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GTTATCAAAATGAAAAGCGTACTAACTTAGAAGGTTTATCTATAAATAAAGGATTATCAAC
>HPV12_Beta_396910_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GACTTAGCTTTTTAATATCAAGGAAATCCCTATCAGGTGGCTCCTCAAAATGTTTCTAAGT
>HPV12_Beta_396910_nt5441_Genome_Tile_rc|1

CTTCCGCTATGTCCATATCTACAAATGTACTTTCAACAGTGCCTTGCACTATGGTTGCAT
>HPV12_Beta_396910_nt5601_Genome_Tile_rc|1
ACATAATAAGAACTGCTCCTTGTAGTTTCAAAACGGGGCACAGTGTATGATGTTGTGCTG
>HPV12_Beta_396910_nt6341_Genome_Tile_rc|1
GGGCAAACACCATTTTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTAAGGCTTTCTCCCAGTGTCT
>HPV12_Beta_396910_nt6361_Genome_Tile_rc|1
TGTTCTTTAACTCTATGGGAGGGCAAACACCATTTTTTCAGCTGGTGCATCCCCGCAGGGTA
>HPV12_Beta_396910_nt6461_Genome_Tile_rc|1
TTCATATGTCAAGGCTGACATCAGATCTGTTTTGTTGCAATGTTTTAAAAATTCATGTTG
>HPV12_Beta_396910_nt6901_Genome_Tile_rc|1
AATCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACTGTAAATAGATATACTGAAAT
>HPV12_Beta_396910_nt6921_Genome_Tile_rc|1
ATATTCTCTAAATTTTTGAGAATCATAATTTGGAATGTCGTGTACATTTTGATTATCACT
>HPV12_Beta_396910_nt7101_Genome_Tile_rc|1
AGATTCGATATATCTGTATGTGTCATGAATAGGATTGTCAGGAGTTGGCACGAAGCCTAA
>HPV12_Beta_396910_nt7201_Genome_Tile_rc|1
AAGAAAGTCTCTCAGTCATATCTACAGTCCAAAACTTAAGCCATCATAAGGGTCCGGCT
>HPV12_Beta_396910_nt7261_Genome_Tile_rc|1
TTTGTTGGAGGCCAGCCTGGAATAAGAACTTGCGCCCTAAGGAATACTGATCCAGGTCTA
>HPV12_Beta_396910_nt7321_Genome_Tile_rc|1
TTTTGGTCCCCCTTATGGAACTTCTATAGCTTGATGATTTTGTGTACCGTTAACGGTCG
>HPV12_Beta_396910_nt7381_Genome_Tile_rc|1
ATACTGTGCAAAAGTTGAGGTAATTGTACCAAATTCGGTACATTTAGTTTTTGC GTTTTC
>HPV12_Beta_396910_nt7581_Genome_Tile_rc|1
GCCAGAACTGAGCTGCTGTAAGCTATTTGGCAAACCAAAGGTCCTTTGGCGGTCGACCTA
>HPV12_Beta_396910_nt7601_Genome_Tile_rc|1
CGTTATCGGTCCACAAATGTGCCAGAACTGAGCTGCTGTAAGCTATTTGGCAAACCAAAG
>HPV65_Gamma_312100_nt0021_Genome_Tile_rc|1
TACAATGTGTCTTTTTATATGTATCTCTCCGGTTATATATTACTTTAGATGATGGTTGT
>HPV65_Gamma_312100_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TTAAACGTAAGCATTGAGCAACAGCATGCATAGTAGCAACCCCCCTGAAAACATAACTAA
>HPV65_Gamma_312100_nt0321_Genome_Tile_rc|1
AATTTTCCTTTGAGCTACTTCTTCCAAATTAACAGCTTTTATAGAACTGAAAATAATT
>HPV65_Gamma_312100_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CATCTGATGCAAATCTCCTTAATTTTCCTTTGAGCTACTTCTTCCAAATTAACAGCTTTT
>HPV65_Gamma_312100_nt0381_Genome_Tile_rc|1
TAATTTCTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATATACATCTGATGCAAATCTCCTT
>HPV65_Gamma_312100_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TGGTCAGAGTACAGCAAGTCTAATTTCTCAACAATGTCTAGTAGTCTCAAACAACATATA
>HPV65_Gamma_312100_nt0701_Genome_Tile_rc|1
GTCCACTATGAGTTGTTCCAACGCTCGAAGTCCAAATTCACAGCAAACAGAGTAATCCT
>HPV65_Gamma_312100_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TACAGTGCTGTTGCAAAACAATTTTAGAGCTTTCCAAAACCTCAACAGCAGCTCGAAAGA
>HPV65_Gamma_312100_nt1401_Genome_Tile_rc|1
TATTTTAACTTGAATATATGTACAGTGCTGTTGCAAAACAATTTTAGAGCTTTCCAAAAC
>HPV65_Gamma_312100_nt1541_Genome_Tile_rc|1
GTAGGCACACTTCGTAACCTTAGGAGGGTCAGTCAATATTTGAAACTCTTGAATATTCAAC
>HPV65_Gamma_312100_nt1561_Genome_Tile_rc|1
GCTTATAGAAGTATAAAGCTGTAGGCACACTTCGTAACCTTAGGAGGGTCAGTCAATATTT
>HPV65_Gamma_312100_nt2101_Genome_Tile_rc|1
CATAGGATACTACTTTACCTTTAAGAAATTTCACTAGAGAATAACAAAACAGAGATTTTC
>HPV65_Gamma_312100_nt2121_Genome_Tile_rc|1
GAAGTGGCTACTTCGATTACATAGGATACTACTTTACCTTTAAGAAATTTCACTAGAGA
>HPV65_Gamma_312100_nt2801_Genome_Tile_rc|1
GAGCAGTATTAATCAGTTCTGCACTAACTTCTGGCAGAGTCCAACGCTCTGATCCATAAG

>HPV65_Gamma_312100_nt3541_Genome_Tile_rc|1
CATAAAGAGAAACCCACAGTTACTGGAATTTTGTTCCTATATCTCCAACATTTCAACGA
>HPV65_Gamma_312100_nt3561_Genome_Tile_rc|1
ACCCAGTTCCAAACAGTGCTCATAAAGAGAAACCCACAGTTACTGGAATTTTGTTCCTA
>HPV65_Gamma_312100_nt3621_Genome_Tile_rc|1
CTCTGACCAGGACTTTTTAAAAGCAATTAACATGCGACTGTGATTTTCTGACACATCACCA
>HPV65_Gamma_312100_nt3641_Genome_Tile_rc|1
TGTGTTTAAACAAATGAGTCTCTCTGACCAGGACTTTTAAAAGCAATTAACATGCGACTGT
>HPV65_Gamma_312100_nt3661_Genome_Tile_rc|1
ACAGAGTTTTGGGAATAGATTGTGTTTAAACAAATGAGTCTCTCTGACCAGGACTTTTAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TTGCATTTTATAAGCTATTTAAAGAACCATAGGTATATGTACAGAGTTTTGGGAATAGAT
>HPV65_Gamma_312100_nt3741_Genome_Tile_rc|1
AGAGGTTTGGTATTGAGTCTCTTTTGTCTGCGTGAGGCTTGCAATTTATAAGCTATTT
>HPV65_Gamma_312100_nt3761_Genome_Tile_rc|1
AGATAATTGACATTTTGCATAGAGGTTTGGTATTGAGTCTCTTTTGTCTGCGTGAGGC
>HPV65_Gamma_312100_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TAGGGGCTCCCAAGTGATTATAACAGAACCCCTCCACTGCCTCTTCCCGTCCCAATTC
>HPV65_Gamma_312100_nt4041_Genome_Tile_rc|1
CTAAAGGAACACAGAAGAAGTCCAGGGTTTACAACATCTACAGGGATGATTTCACTAG
>HPV65_Gamma_312100_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TTCTGGAAGTGTAAATCCTCTAAAGGAACACAGAAGAAGTCCAGGGTTTACAACATC
>HPV65_Gamma_312100_nt4101_Genome_Tile_rc|1
GAAGACCACCTCCTCCACCTCCCCGCTATCTATGGTGACTTCTGGAAGTGTAAATCCT
>HPV65_Gamma_312100_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ATAGGGTCTGAGGAAGTGACAACATCTATCTCAGAAGGATGAAGACCACCTCCTCCACCC
>HPV65_Gamma_312100_nt4161_Genome_Tile_rc|1
TTGTACCAGTGACATCTGAAATAGGGTCTGAGGAAGTGACAACATCTATCTCAGAAGGAT
>HPV65_Gamma_312100_nt4261_Genome_Tile_rc|1
CTAGTTCTTAAAGCTATGCGTTTGGTAGGGGCTCTGTTGGAGAAACATCTAGGACTGCA
>HPV65_Gamma_312100_nt4301_Genome_Tile_rc|1
GCCTGATATTACACTTATATGTGGTGTTGATGTTGCGCCCTAGTTCTTAAAGCTATGCG
>HPV65_Gamma_312100_nt4501_Genome_Tile_rc|1
TTATAAAGATCTCGCGCTCTTTCCAAAGCACGTCCAATAGTCTCACGTGGTGTGCTAGTT
>HPV65_Gamma_312100_nt4541_Genome_Tile_rc|1
CATTGCTGGATTTCTAGTGGCTATCTGCTGCACTCTTCTGTTATAAAGATCTCGCGCTCT
>HPV65_Gamma_312100_nt5121_Genome_Tile_rc|1
GTATAACTCTTGTTCCTGGGTAAGATACAAATAAATCGGAGCCTACATCATCAACATAAA
>HPV65_Gamma_312100_nt5141_Genome_Tile_rc|1
AGTAGGTAAGCCTCCCGCAGGTATAACTCTTGTTCCTGGGTAAGATACAAATAAATCGGA
>HPV65_Gamma_312100_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TCTAACGGGGTAAAAGGCTCAGTAGGTAAAGCCTCCCGCAGGTATAACTCTTGTTCCTGGG
>HPV65_Gamma_312100_nt5181_Genome_Tile_rc|1
ACTCTGAAAAAAATGGAGGCTCTAACGGGGTAAAAGGCTCAGTAGGTAAAGCCTCCCGCAG
>HPV65_Gamma_312100_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TACAAAGTCAGAACTGTAAACTCTGAAAAAAATGGAGGCTCTAACGGGGTAAAAGGCTC
>HPV65_Gamma_312100_nt5221_Genome_Tile_rc|1
CGATACAAACTAGGACGATATACAAAGTCAGAACTGTAAACTCTGAAAAAAATGGAGGC
>HPV65_Gamma_312100_nt6861_Genome_Tile_rc|1
TAAGTTTCTATTGGCAGAACAATGCATTCTTATAAGGATTAATCTACTGTTTAATAGAC
>HPV65_Gamma_312100_nt6881_Genome_Tile_rc|1
ATATAATAATTGGCTCAGTTTAAAGTTTCTATTGGCAGAACAATGCATTCTTATAAGGAT
>HPV65_Gamma_312100_nt6921_Genome_Tile_rc|1
TCTCACAGAAAAAGCAAATACATACACGTTTCCAAAGATTATATAATAATTGGCTCAGTT
>HPV65_Gamma_312100_nt6941_Genome_Tile_rc|1

CAGTTTATTTTACTCAAGTTTCTCACAGAAAAAGCAAATACATACACGTTTCCAAAGATT
>HPV65_Gamma_312100_nt7081_Genome_Tile_rc|1
AATTTTTTTAGAAAAATAGAAGGGGACGTTCTCTTTTGGCGCGCATCCGACGGATGTGGA
>HPV65_Gamma_312100_nt7121_Genome_Tile_rc|1
CGATAACGGTCTTACACAATTTTGCAGCTGCAGAAACGGTAATTTTTTTAGAAAAATAGAA
>HPV65_Gamma_312100_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TGTGCCAAGGTTACAGGGAACGATAACGGTCTTACACAATTTTGCAGCTGCAGAAACGGT
>HPV57_Alpha_60882_nt1821_Genome_Tile_rc|1
GTACTGCACCATAACAGATAATTTGAACTGCTCATCCTCCATACTGTGTCTTATCAGTGT
>HPV57_Alpha_60882_nt1901_Genome_Tile_rc|1
GCCGCATTGGCGTCCACGTCCGCCAGCTGTGCGTACTCAAATGCCAGTGCGCTCTCGTCC
>HPV57_Alpha_60882_nt2361_Genome_Tile_rc|1
ATTGCCATCTAGTAGGTTCTAAGATATGTATCAATATACGTCCAGCACTGGGCCGTGCG
>HPV57_Alpha_60882_nt2381_Genome_Tile_rc|1
TTCCTGTCTATGCTGAAGGATTGCCATCTAGTAGGTTCTAAGATATGTATCAATATAC
>HPV57_Alpha_60882_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TTCACCCCTTTGGGTAGATGGACCCCTTGTAAGGAATTCTGCACGCTGTTCTGACTTTTG
>HPV57_Alpha_60882_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AGCAGGATACATTGCAGTATACAGGGGGGAGGTATATACAGGGTAGCAGCAGTTGGTCAC
>HPV57_Alpha_60882_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CCGCCCCGTGCCCTTGTACACAGCAGGATACATTGCAGTATACAGGGGGGAGGTATATACA
>HPV57_Alpha_60882_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AAAAGAATAATCAACAAGCAATCCACATCATCAGGGCCCCACAGGACAATGGGATACGAC
>HPV57_Alpha_60882_nt4181_Genome_Tile_rc|1
ACAACAAAAATGGCAATCAACAAAAGAATAATCAACAAGCAATCCACATCATCAGGGCCCC
>HPV57_Alpha_60882_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CAGACGGACGTACAGCATCAACAACAAAATGGCAATCAACAAAAGAATAATCAACAAGCA
>HPV57_Alpha_60882_nt4221_Genome_Tile_rc|1
GAGTATGTACTACTGCAGCAGACGGACGTACAGCATCAACAACAAAATGGCAATCAAC
>HPV57_Alpha_60882_nt4241_Genome_Tile_rc|1
GTATGTAGCAAAAACACAATGAGTATGTACTACTGCAGCAGACGGACGTACAGCATCA
>HPV57_Alpha_60882_nt4281_Genome_Tile_rc|1
AGGCAATCAGGTGCACACCGATAAAAATGTATCAAAATGAGTATGTAGCAAAAACACAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt4301_Genome_Tile_rc|1
ATTGACACGTAGCAATACAAAGGCAATCAGGTGCACACCGATAAAAATGTATCAAAATGA
>HPV57_Alpha_60882_nt4441_Genome_Tile_rc|1
ATCCTATCAGCTAATGTGTCCTGTTCCACCCTAGGTATGATATCAGGGGGGCACGTTCCA
>HPV57_Alpha_60882_nt4461_Genome_Tile_rc|1
CCAGGCTGCCCCATTTGAGTATCCTATCAGCTAATGTGTCCTGTTCCACCCTAGGTATGA
>HPV57_Alpha_60882_nt4601_Genome_Tile_rc|1
CACAGGTTCTATTACTACAGGTGGCCTTGGCGCCAGTCCTACATCAACGACAGTTGTTGG
>HPV57_Alpha_60882_nt4761_Genome_Tile_rc|1
CCCCATTACCCGAAGGAGTGATGTCCAGGACTGCAGGGTCAGTCACCGTTGAGGTGGTAA
>HPV57_Alpha_60882_nt5421_Genome_Tile_rc|1
CTCGAGGGGCGCGGGGACATCCGAATCTAAGGGTTGCAAGAAATCCGACTCGGCATATA
>HPV57_Alpha_60882_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GTCTGCCAGGGAAAGGGTACCTCGAGGGGCGCGGGGACATCCGAATCTAAGGGTTGCAA
>HPV57_Alpha_60882_nt5601_Genome_Tile_rc|1
AGGATGGTATGGCTGGTATCACAGGCACCAGCGGTCCCATACCGGGCCTACAGACGGGT
>HPV57_Alpha_60882_nt6561_Genome_Tile_rc|1
AGTGGAGGTATAAACATAACTACCGGGGGTCTGGACGGTAGAACTCTTGACATATAGCTC
>HPV57_Alpha_60882_nt6761_Genome_Tile_rc|1
TCCTTATAAATTGGAGGCTTTATAATTAGTTTCTGTGGTTACAGTGGCACACAAAGAGACA
>HPV57_Alpha_60882_nt6981_Genome_Tile_rc|1
CTTAGGGGGTGTGGGCTTCTGACATGTTATCGCTTGGGATTGCAAATACCTGTAGGTGTC

>HPV57_Alpha_60882_nt7181_Genome_Tile_rc|1
AATCACTATCGCCTGACCTTTTTGCGTTTAGCAGTGGGCGCCGCTGCAGTTGCAGCGGCG
>HPV57_Alpha_60882_nt7421_Genome_Tile_rc|1
GGGGCTACATACAGGCCACAGTGTGCAAACCATGCAGCGGGGACAATTACAGAGTGCAAC
>HPV57_Alpha_60882_nt7541_Genome_Tile_rc|1
TTTAGTTGGCACAGTAAAAAAGTGAAAGGATTAAAGCAATTAAAGGATTAAAGGATATGA
>HPV57_Alpha_60882_nt7561_Genome_Tile_rc|1
CAATCAAAAAGCAAAATCATTTTTAGTTGGCACAGTAAAAAAGTGAAAGGATTAAAGCAAT
>HPV57_Alpha_60882_nt7601_Genome_Tile_rc|1
GCACTGGAAAAAGAAAACTGCATTAATGCAGACACAAAACAATCAAAAAGCAAAATCAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TCCAGGATAATACACTGTCACAATACAGACAATTAGAAGATTGACATATAACCCAAAATT
>HPV94_Alpha_40804528_nt3901_Genome_Tile_rc|1
GTAGTCTACACAAATAAAAATCCAGGATAATACACTGTCACAATACAGACAATTAGAAGA
>HPV94_Alpha_40804528_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TGTGAGACCTATGTGTTTTGAAGTATACGTGACACAATTTGAAAATACAATGCTACCAGG
>HPV94_Alpha_40804528_nt4181_Genome_Tile_rc|1
TAAAACAAACAATGCCATAAGTACAAACAATATTATACACAGCAGTAAATACACATCTCC
>HPV94_Alpha_40804528_nt4201_Genome_Tile_rc|1
AATACACCCAGGTGTCTATATAAAACAACAATGCCATAAGTACAAACAATATTATACAC
>HPV94_Alpha_40804528_nt4221_Genome_Tile_rc|1
GGCGTCTACATCCATATCACAATACACCCAGGTGTCTATATAAAACAACAATGCCATAA
>HPV94_Alpha_40804528_nt4241_Genome_Tile_rc|1
AAAACATTAGATTATGCACAGGCGTCTACATCCATATCACAATACACCCAGGTGTCTATA
>HPV94_Alpha_40804528_nt4261_Genome_Tile_rc|1
CACATAAGGGTACACACAGCAAAACATTAGATTATGCACAGGCGTCTACATCCATATCAC
>HPV94_Alpha_40804528_nt4301_Genome_Tile_rc|1
AAAAAACAAAAGAATAAAAAAACAAGGGTGCTACAATAGCACATAAGGGTACACACAGC
>HPV94_Alpha_40804528_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AAGCAGTACTATAGCTCCGTGCCGGTGTGACACTTCGAGTGCCATTTGTAAAGGCAACAT
>HPV94_Alpha_40804528_nt5481_Genome_Tile_rc|1
AAGTGTAGAGGACAAAGGGGAAGCAGTACTATAGCTCCGTGCCGGTGTGACACTTCGAGT
>HPV94_Alpha_40804528_nt6541_Genome_Tile_rc|1
TATTAGAGTGTGAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCTCTATTGAAAAAATGTCTTGC
>HPV94_Alpha_40804528_nt6561_Genome_Tile_rc|1
TCACCACCGGCCGACTTCAATATTAGAGTGTGAGGAATGGTGTCTCCCACTGCACTGGCT
>HPV94_Alpha_40804528_nt7281_Genome_Tile_rc|1
CCAGACAAACAACATACACAAATATGCACATACATAAAAACACAAACATGGGGTCATTTT
>HPV94_Alpha_40804528_nt7321_Genome_Tile_rc|1
AGTAAATACATACAAGCGTACACATAACATACACCAATTACCAGACAAACAACATACACA
>HPV94_Alpha_40804528_nt7341_Genome_Tile_rc|1
TTCCAGTACAATACATACACAGTAAATACATACAAGCGTACACATAACATACACCAATTA
>HPV94_Alpha_40804528_nt7361_Genome_Tile_rc|1
TTTACACATCCACACATGCATTCCAGTACAATACATACACAGTAAATACATACAAGCGTA
>HPV94_Alpha_40804528_nt7821_Genome_Tile_rc|1
AGTTTATAATTATAGTTGGAAAGAGACGTGTAGCAACTGCATTAATTAAAGCTAGAAAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt0001_Genome_Tile_rc|1
CCGGTGATATTTTATTATAAGAGATGATTGTTGCCAACTATTATTAAGGAAAACAATGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TAATAACAGCTACCCCTAAAAACCAAACCTAATTTCTTAATATAAAACGAAGCAAGCTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CATATATCCCTGATTTTTTTGTCCTACTAAATCTTCCAGTCCAGTAGCATATACAGAACAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt0361_Genome_Tile_rc|1
GACAGCATAAACATCTTACACATATATCCCTGATTTTTTTGTCCTACTAAATCTTCCAGTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt0401_Genome_Tile_rc|1

TATAACAGGTCAAGTTTTTCTACTATGTCTAATAGTTTAAAGACAGCATAAACATCTTACA
>HPV95_Gamma_40804520_nt0421_Genome_Tile_rc|1
AATAGCACACCTCACCCTGTATAACAGGTCAAGTTTTTCTACTATGTCTAATAGTTTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt0541_Genome_Tile_rc|1
AAATTTGCAGGAACAATACTCATGGAGGTTTAAATCAACATCTGCAATAGATGGTGCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt0561_Genome_Tile_rc|1
GCAAGACCTCATCGCTCAGCAAATTTGCAGGAACAATACTCATGGAGGTTTAAATCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt0681_Genome_Tile_rc|1
GTCCAAATGCAACAGCATACAAAGTGATTCTTACATTTGCTTCACAATTATAACAACAGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt0901_Genome_Tile_rc|1
AATTTGATATATTTGAACCGTCAGTACTTTCGTCTGAATAACTCATCCACAGTATCTATGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt1241_Genome_Tile_rc|1
GTTGCCCTTCGGTTATTGTCCTGCAATAACAAAAGGTTAATATCCCCTGCGCCATCTTGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt1261_Genome_Tile_rc|1
CTTTAAATTTGGCAAGCATAGTTGCCCTTCGGTTATTGTCCTGCAATAACAAAAGGTTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TCTTAGAACTTTCGAATACCTCTACAGGAGCTTTAAATATAACAACAACCAATTATCAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt1401_Genome_Tile_rc|1
GCAATGCTGTTGAAGGACGATCTTAGAACTTTCGAATACCTCTACAGGAGCTTTAAATAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1421_Genome_Tile_rc|1
ATCTTTACTTGAATGTATTGGCAATGCTGTTGAAGGACGATCTTAGAACTTTCGAATACC
>HPV95_Gamma_40804520_nt1441_Genome_Tile_rc|1
AAAGAGCAGAAAATCCAAATATCTTTACTTGAATGTATTGGCAATGCTGTTGAAGGACGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt1461_Genome_Tile_rc|1
ACTCTTAAATTTGAATAAATAAAGAGCAGAAAATCCAAATATCTTTACTTGAATGTATTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt1501_Genome_Tile_rc|1
ACGAACATAATAACTTATAAACAGTCTCTCTACTTTTGGAACTCTTAAATTTGAATAAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt1521_Genome_Tile_rc|1
AAACTCTTGTATATTTAACAACGAACATAATAACTTATAAACAGTCTCTCTACTTTTGGAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt1661_Genome_Tile_rc|1
GACTGATGGCTCACTATTGTCTGCTTAGCGATCCAATCCGGTGTGTTGTCCATATACAAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt1701_Genome_Tile_rc|1
AACCATTCTTGACAACCTCAAATGTTTCTGCAGTTGTAGCAGACTGATGGCTCACTATTGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt2141_Genome_Tile_rc|1
AATTGACTAGTTCTATTACATATGACACTACTTTTCCCCTTAAAACTTTATCAATGAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt2701_Genome_Tile_rc|1
ACTTGCTAAAAGTGAAGGAAGGGGTTGAAGACCCAATTTAGTCAGCCCTTGTTCGTGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt2741_Genome_Tile_rc|1
ATGTTAGCTGTATCTGTATTGCTTGTGTTTGCATTGTATTCACTTGCTAAAAGTGAAGGAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt2781_Genome_Tile_rc|1
CAAGGTTTCAGAAGCATAGGGCGACTTTAATAATGATAGTAATGTTAGCTGTATCTGTATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt2801_Genome_Tile_rc|1
CACTGACTTCTGGTAATGTCCAAGGTTTCAGAAGCATAGGGCGACTTTAATAATGATAGTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt2821_Genome_Tile_rc|1
GGGCGTGTAAATCAATTCTGCACTGACTTCTGGTAATGTCCAAGGTTTCAGAAGCATAGGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt2841_Genome_Tile_rc|1
TTTTTTTAAAACGTTCTGAGGGGGCGTGTAAATCAATTCTGCACTGACTTCTGGTAATGTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt2861_Genome_Tile_rc|1
CAGTTACATCATACCCCCCTTTTTTAAACGTTCTGAGGGGGCGTGTAAATCAATTCTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt2941_Genome_Tile_rc|1
TATTTTCATTTGCATCTTGATAATACAAAGCAGTCCAGTTTGTATATACCATTGTATTGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt3221_Genome_Tile_rc|1
CCCTCGACTGCGATCCCCTTCCCCGAGGGGACGTCTGCTTGGTAGTTTGGTGTGCTGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt3561_Genome_Tile_rc|1
CTCATATAAAGGAAGCCACAAGAATTTGAAGTTAGTTTCTATATCTCCAGCATTTCAAT

>HPV95_Gamma_40804520_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CTCTCTGGTCTGTACTGGTGAAAGCTATTAACATTCGACTATGATTTTCTGAGGAATCCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt3661_Genome_Tile_rc|1
GTGATGCTTTACAAAGTAATCTCTCTGGTCTGTACTGGTGAAAGCTATTAACATTCGACT
>HPV95_Gamma_40804520_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TCAGAGAACCAAATGTATATGTGCACTGTCTGGGGAAGAAGTGATGCTTTACAAAGTAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt3741_Genome_Tile_rc|1
CTCGCTTTACTCTCCGTGCAGAATTCATTTTACAGGCTGTTTCAGAGAACCAAATGTATAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt3761_Genome_Tile_rc|1
ATAAAGATTAGGGACTGAGTCTCGCTTTACTCTCCGTGCAGAATTCATTTTACAGGCTGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CCTGAAAGTTGACATTTTGCATAAAGATTAGGGACTGAGTCTCGCTTTACTCTCCGTGCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt3981_Genome_Tile_rc|1
GAACTGTGGGTCTTACTAGAGTTCCACTAGGGGTAACCTTACTTGGGGTCGCTAGTGGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4041_Genome_Tile_rc|1
AGCCTGCAGGATCTACTGCATCAACAGGAACCTATTTCAACGGGGCCCAGACCTTCTACTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4061_Genome_Tile_rc|1
AGTGAGCGGGACAATGGAGGAGCCTGCAGGATCTACTGCATCAACAGGAACCTATTTCAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4081_Genome_Tile_rc|1
ACCTCGGGAACAGACACATCAGTGAGCGGGACAATGGAGGAGCCTGCAGGATCTACTGCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CACCTTCGCCATCCACAACCACCTCGGGAACAGACACATCAGTGAGCGGGACAATGGAGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TGGTCCTAAATCTATTGCCACCTTCGCCATCCACAACCACCTCGGGAACAGACACATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GTGACTCCTGTATCTTCGGGTGGTCTAAATCTATTGCCACCTTCGCCATCCACAACC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4161_Genome_Tile_rc|1
ATATTTTCAGGAGGGCGAGATGTGACTCCTGTATCTTCGGGTGGTCTAAATCTATTGCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TATTGTGTATCTTCTCCTGAAATTATTGTTGGGTGGCTGTTGGTACCTGAAACATCTGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4281_Genome_Tile_rc|1
GTTTTGTGGGGGCTCTATTGGAGATATGTCTAACACAGCTATTGTGTTATCTTCTCCTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4301_Genome_Tile_rc|1
ACGTGTGCCCAAGGCTATACGTTTTGTGGGGGGCTCTATTGGAGATATGTCTAACACAGC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4321_Genome_Tile_rc|1
TGTGGCGTTGATGACTGGCCACGTGTGCCCAAGGCTATACGTTTTGTGGGGGGCTCTATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4461_Genome_Tile_rc|1
CAAATTCCTGGATAGTGTTTCAGATCCTGCAAGGGGATTTCTCTGTATAACCAATAGAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TGAATTTGTTGCACTCTTCTATTATATAATTCTCGCGCCCTCCCTATTGCGCGGGCTATT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4761_Genome_Tile_rc|1
CACGAATTTGTCCACTCTCTGTTTCTGAAAATTGTGGGCGACCTATTGTGACAATGTCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4801_Genome_Tile_rc|1
CTTCTAGTCTGTATGGTGCCCTGCGTCCTAATCTACTAACACGAATTTGTCCACTCTCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4821_Genome_Tile_rc|1
CTTGACCAATTTGTATACCACTTCTAGTCTGTATGGTGCCCTGCGTCCTAATCTACTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4841_Genome_Tile_rc|1
ATCATAATAGAAATGTAAGTCTTGACCAATTTGTATACCACTTCTAGTCTGTATGGTGCC
>HPV95_Gamma_40804520_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GCTGTATCAATGGTGCTTAAATCATAATAGAAATGTACTGCTTGACCAATTTGTATACCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4881_Genome_Tile_rc|1
TAGACAATTCATTTGCATCTGCTGTATCAATGGTGCTTAAATCATAATAGAAATGTACTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4901_Genome_Tile_rc|1
TCCTGAATGTTGCTTAAAGTAGACAATTCATTTGCATCTGCTGTATCAATGGTGCTTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt4921_Genome_Tile_rc|1

GCATCTACGATACTCTGGTCTCCTGAATGTTGTCCTAAAGTAGACAATTCTATTGCATCT
>HPV95_Gamma_40804520_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TCAAGCTACTTTCTGCCATTGCATCTACGATACTCTGGTCTCCTGAATGTTGTCCTAAAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt4961_Genome_Tile_rc|1
AGGTGTAGCGAAAGGATCTATCAAGCTACTTTCTGCCATTGCATCTACGATACTCTGGTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5021_Genome_Tile_rc|1
ATTACTAAAAATCCTCAGTTTGAGGATCCAATAATTGCTGTTCTCTGCAACAGTGGTATC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5041_Genome_Tile_rc|1
GTAGTTAGTACTAAATGAGAATTACTAAAAATCCTCAGTTTGAGGATCCAATAATTGCTGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5061_Genome_Tile_rc|1
AAGTTGAACCTCTGTTACTAGTAGTTAGTACTAAATGAGAATTACTAAAAATCCTCAGTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5081_Genome_Tile_rc|1
AGGAATAGTAGGAATAGTCAAAGTTGAACCTCTGTTACTAGTAGTTAGTACTAAATGAGA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5101_Genome_Tile_rc|1
ATTCGTAGACCAATTCCTGGAGGAATAGTAGGAATAGTCAAAGTTGAACCTCTGTTACTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5121_Genome_Tile_rc|1
AACCAATATCATCTACATAAATTCGTAGACCAATTCCTGGAGGAATAGTAGGAATAGTCA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CTTCAGAGGGAAAAATGGTTTCAGTTGGTAATCCTCCAGGAGGAATTAAGCTTGATTCTGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AATAAGTGAAATCACTGTAAAAATCTGTTAATAATGCTGGCTTCAGAGGGAAAAATGGTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TTTGCGATATAAGCTAGGATAATAAGTGAAATCACTGTAAAAATCTGTTAATAATGCTGG
>HPV95_Gamma_40804520_nt5281_Genome_Tile_rc|1
AGATCTGATCGTTTTTCGTTTTTTGCGATATAAGCTAGGATAATAAGTGAAATCACTGTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TAAAAAAACAAAGTCAGAACAGATCTGATCGTTTTTCGTTTTTTGCGATATAAGCTAGGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5321_Genome_Tile_rc|1
ACCAACTCGTCATTTTTCTGTAAAAAAACAAAGTCAGAACAGATCTGATCGTTTTTCGTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5541_Genome_Tile_rc|1
TGAAACCTAAAGACTCTATATTGACTTCCAGATACCTTTGGAACATAAACTTTCTTAGGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt5801_Genome_Tile_rc|1
CTGGAATACAACCAATTATGAACATTTGGGTCTGTTTAGGGTCTAATGAGACATCCTGTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt5841_Genome_Tile_rc|1
TCTCTGCATGCCTCAGCTTTATCCAGTGCTCCCAATAGCTGGAATACAACCAATTATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6021_Genome_Tile_rc|1
ATCTTTAAGAAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTACCAACTACATCTAATGGTGCACCTGGAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6041_Genome_Tile_rc|1
CACCATAAATGTCCTTACTCATCTTTAAGAAGTCAGGCCATTTACACAAAGTACCAACTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6081_Genome_Tile_rc|1
GCATAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAATAAACTGTCACCATAAATGTCCTTACTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6101_Genome_Tile_rc|1
CTCTAACAAAAAAGTGTCTTGACATAAAGCTGTTCCCTTCGGCCAAAGAATAAACTGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6161_Genome_Tile_rc|1
CAATTATGTAATCAGACTTCACTTCAAAAGGCTCTGGTAACGCATCACCCATTGTCCCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6181_Genome_Tile_rc|1
TTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACTTCACTTCAAAAGGCTCTGGTAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6201_Genome_Tile_rc|1
TGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAGCAATTATGTAATCAGACTTC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6221_Genome_Tile_rc|1
TAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTGTCTTGGTTACTCTGAGCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6241_Genome_Tile_rc|1
ACTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATGTGAGGGCCAAGATTATTTTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6261_Genome_Tile_rc|1
CGGTTAAAAAGCTGAGATTCACTTGATACAAGAGAACCGCTAGGAGTTCCAAAATAAATG

>HPV95_Gamma_40804520_nt6361_Genome_Tile_rc|1
AAAGTTAGTGTATGGGTATTATCAACCAGAGTTACAAAAAGCTGATTATCCCAACAAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6381_Genome_Tile_rc|1
TCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATGGGTATTATCAACCAGAGTTACAAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6401_Genome_Tile_rc|1
TATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGTAAAGTTAGTGTATGGGTAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6421_Genome_Tile_rc|1
AAAATCATTTGCTTTATATGTATAATTGTTATCCTCTCCTTCATGCTTTACAGAAATAGT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6541_Genome_Tile_rc|1
ATCTAATATATTTGGGTTCATGACATTCAAATGAGCCATTACATCTGCTGTAAGAGGCAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6641_Genome_Tile_rc|1
GTGGATTTTGAGTTGGACAACGAGTAGCTCTGGATGTAATGAATCTGTATTGATCCTCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6661_Genome_Tile_rc|1
AGGGTCTTCTCTTCTGCTGGTGGATTTGAGTTGGACAACGAGTAGCTCTGGATGTAAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt6681_Genome_Tile_rc|1
CAAAAGGACAAATCTTTAAAAGGGTCTTCTCTTCTGCTGGTGGATTTGAGTTGGACAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6721_Genome_Tile_rc|1
GCTTAATTCTGAAGAAAAACGCTCAGAAAGATCAACTGTCCAAAAGGACAAATCTTTAAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6801_Genome_Tile_rc|1
GAAGTAATAGCTCTTTGTCTTTTACGAGATCCATTTATTAATCCACTCTGATAGAGAAAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt6901_Genome_Tile_rc|1
CTTTTTCTGCGCAGAAATAATACATTCCATTATGTATTTACATGGTTACTTAGATAAACG
>HPV95_Gamma_40804520_nt6921_Genome_Tile_rc|1
AATAATTGGCTCAATATGCACTTTTTCTGCGCAGAAATAATACATTCCATTATGTATTTA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6941_Genome_Tile_rc|1
TATCCTTCAATAGGTTATATAATAATTGGCTCAATATGCACTTTTTCTGCGCAGAAATAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt6981_Genome_Tile_rc|1
TATAGTTTATATGCATTCACATTTAAAAGATTTATAATTTTTATCCTTCAATAGGTTATAT
>HPV95_Gamma_40804520_nt7001_Genome_Tile_rc|1
GACACAATAGTAATTGGAGGTATAGTTTATATGCATTCACATTTAAAAGATTTATAATTTT
>HPV95_Gamma_40804520_nt7061_Genome_Tile_rc|1
GAGGCAGTCCAAGTAATCAGGGTGCGGACACAATATTGACCACATGAGTCACAAAGCATG
>HPV95_Gamma_40804520_nt7081_Genome_Tile_rc|1
CCAGCGTCTTACTTAATGTGGAGGCAGTCCAAGTAATCAGGGTGCGGACACAATATTGAC
>HPV95_Gamma_40804520_nt7101_Genome_Tile_rc|1
AGGAGCGTCTCTTTTCTTCGCCAGCGTCTTACTTAATGTGGAGGCAGTCCAAGTAATCAG
>HPV95_Gamma_40804520_nt7121_Genome_Tile_rc|1
TATTTTTTTCCAAAAAAATAAGGAGCGTCTCTTTTCTTCGCCAGCGTCTTACTTAATGTG
>HPV95_Gamma_40804520_nt7181_Genome_Tile_rc|1
AACTCCTGGAAATAGCGAACGAATCCGGTCCTGTTTCCCGCCTAATAATGCCAAATTCAA
>HPV95_Gamma_40804520_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TAAAACTTTACCTACCTTTAACTCCTGGAAATAGCGAACGAATCCGGTCCTGTTTCCCG
>HPV81_Alpha_40804509_nt0101_Genome_Tile_rc|1
AGCAAAAACAAATTGGTAGGATTTGCTGGCCCCAGCGACATCACTGCTGTGCTGACCATA
>HPV81_Alpha_40804509_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TATTTTATGAAAGTGGATTAGGCCTGTCACAAGATACTCCTTTTCTTGGTATGTTAACGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt0921_Genome_Tile_rc|1
GCACTATCTTCTTCTTCACTTGGATTCTTGATACCTGTGGTCTTTTCTTCTACAACAGCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt0941_Genome_Tile_rc|1
CTAGATCCTCTCCTGTATCTGCACTATCTCCTCTTTCATCACTTGATTCTGATACCTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt0961_Genome_Tile_rc|1
TCGTGTATCTATGAAATCTACTAGATCCTCTCCTGTATCTGCACTATCTTCTCTTCATC
>HPV81_Alpha_40804509_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TCTGGCCTTCAACAGCTCTACTATACTTGCTGTACCTTCTGGGTTTGTGTAAATGCAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt2301_Genome_Tile_rc|1

AAATGACTTGATGCATTTACGTAGGAAATAACTGCACCCCCTAGAAATTGCACTAAACTC
>HPV81_Alpha_40804509_nt2421_Genome_Tile_rc|1
TCCATACTTATTAAGTTACCATCTACCACACTACGTAAATGTGTATCTATGTACACCCAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt2441_Genome_Tile_rc|1
CTAAATTCCTATGTTTTCTGTCCATACTTATTAAGTTACCATCTACCACACTACGTAAAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt2481_Genome_Tile_rc|1
ATGTTAGTTGTAATCAGTAATGGGGGGCATTTTAGTTGTGCTAAATTCCTATGTTTTCTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt2501_Genome_Tile_rc|1
TAACGTCTTCTAATGGATTTATGTTAGTTGTAATCAGTAATGGGGGGCATTTTAGTTGTG
>HPV81_Alpha_40804509_nt2521_Genome_Tile_rc|1
ACTATGTAAATATTTTAGGGTAACGTCTTCTAATGGATTTATGTTAGTTGTAATCAGTAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt2541_Genome_Tile_rc|1
AAGCTAAACACTGCCATTCTACTATGTAAATATTTTAGGGTAACGTCTTCTAATGGATTT
>HPV81_Alpha_40804509_nt3521_Genome_Tile_rc|1
GTAACCGTCGGCCCTGATTTGTTATTGTCCACCCAGATGTTCCGGTGGTGCAGTGTCCGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt3741_Genome_Tile_rc|1
CACGTTGGTCTTCATTAGCATACCATATTGTTACAAATGCACACTTTTTCGTTGCCTCTC
>HPV81_Alpha_40804509_nt3821_Genome_Tile_rc|1
ATGTTTTTACAAACACATAGACATAAAGCCCTGCATGGCTTGTATGCCCTTTGGTATTGT
>HPV81_Alpha_40804509_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TTTCACTATACCATTTACCATATACATATGTATGTTACAGTACACATTTATACACAAAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt3901_Genome_Tile_rc|1
AATACAGCAAGAACAATAAGTTTCACTATACCATTTACCATATACATATGTATGTTACA
>HPV81_Alpha_40804509_nt4221_Genome_Tile_rc|1
CCAGTATGGGTGCGGACCATAACAGGATACATACTAATACTACCTATATACACTGTAGCAGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt4261_Genome_Tile_rc|1
CCCCTATTATCCATGTCAAACACCACTATATCTGTGCCCCAGTATGGGTGCGGACCAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ATACACAACAAAAACCATAACCCACTATTATCCATGTCAAACACCACTATATCTGTGCCC
>HPV81_Alpha_40804509_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ACAATGTGCAGTTACAGTTGTAACAGTTTATACACTACAAAAAGTATTAAGGCAAGTATA
>HPV81_Alpha_40804509_nt4361_Genome_Tile_rc|1
TAGCAAAATTATAGTACAAAACAATGTGCAGTTACAGTTGTAACAGTTTATACACTACAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt4421_Genome_Tile_rc|1
GGTGCATACCTTTGGCATGGTATACAATAGAGTATACAATGTATTTATTAATAAATATG
>HPV81_Alpha_40804509_nt4661_Genome_Tile_rc|1
ACACAGGACCTATATCAACTACAGAAGGGGGACGGCCACCTATAGGGATGTAGCCCGTGC
>HPV81_Alpha_40804509_nt4881_Genome_Tile_rc|1
GGATTTAAAAAGTTAGTGCTACTAACCTGCACTGTAGTACCTGTGGGAGTAATATCTAGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5541_Genome_Tile_rc|1
GAAACAGAGGACCTGGAAGACAAAGAGGGGCACAGACTGCAAAACAGCATCTAAATGTTGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5601_Genome_Tile_rc|1
AAAGGAACGGTGGTATTATATGAGGAGGCCACAGAGGTAGCAGATAAAGTGGCAGAGCCT
>HPV81_Alpha_40804509_nt5621_Genome_Tile_rc|1
GGATGGTAAACCCAGAAGACAAAGGAACGGTGGTATTATATGAGGAGGCCACAGAGGTAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5681_Genome_Tile_rc|1
GGACTATAGAAGGGGCTAAAGGAGCATAAGGCAATTCTACATCAGGCCCCAGTAGAGGCAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5721_Genome_Tile_rc|1
ACAACATATATGGCGTACGGGGTAGTTGCAGGAAACGAAGGGACTATAGAAGGGGCTAAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5741_Genome_Tile_rc|1
ACAAGTAAAAATCAGTGCCAACAACATATATGGCGTACGGGGTAGTTGCAGGAAACGAAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt5781_Genome_Tile_rc|1
ATACGTTTATGTTTTTTAGGGAAGAATATATAAGAAGGAAACAAGTAAAAATCAGTGCCA
>HPV81_Alpha_40804509_nt5981_Genome_Tile_rc|1
GGAACGCTTTCCTTGGGTACCAATAGTTAATGTACAATATGGATGCCCTACAGTAAGAAG

>HPV81_Alpha_40804509_nt6361_Genome_Tile_rc|1
AAGGGGGGGCATTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCACAAAAGGTACCCCGGGCCCAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt6381_Genome_Tile_rc|1
TGGTTGTATTTTTAACTCCAAGGGGGGGCATTCGTTTTGTGCTGGAGCAACATTAGCAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt6661_Genome_Tile_rc|1
GGGGTTATTCTGTCACTGCCTGCAGCACCCCTTCATATATAAGTCTGCAGGTAAGGCCTCG
>HPV81_Alpha_40804509_nt7321_Genome_Tile_rc|1
GCATACTACTATTTTTTACGTTTTTCGCTTAGCAGAGGTAGTGGGGGTCCCTGGCAGACGCA
>HPV81_Alpha_40804509_nt7341_Genome_Tile_rc|1
CAAGCACACAGCACAAACAAGCATACTACTATTTTTTACGTTTTTCGCTTAGCAGAGGTAG
>HPV81_Alpha_40804509_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TATAATACAAACAACACAAAACAATGCAAAATACATACACACAAGCACACAGCACAAACAA
>HPV81_Alpha_40804509_nt7601_Genome_Tile_rc|1
AGTGGTAAGGAAATACAAAGTGTGCAAGGCGTACAAACACATAAAACAAACACACACACAC
>HPV81_Alpha_40804509_nt7661_Genome_Tile_rc|1
CGGTCCCTGCAACGTTTCGGTTTTAAATGGAGGTATGTAAATGGAGGCACTACTGCAAGG
>HPV81_Alpha_40804509_nt7961_Genome_Tile_rc|1
CCTAAGTTTACATGACATATTGTTGGCGTGTAAACATGTAAAAAGCCAAACCAGCAAT
>HPV81_Alpha_40804509_nt7981_Genome_Tile_rc|1
ACAGGTTTGCACAAAGCTTGCCCTAAGTTTACATGACATATTGTTGGCGTGTAAACATGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AAGTGCCTATATTGACTTATTTTTTCCATGAAACTGTAGACAGGCCAAGCATGCAGCAAAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt0361_Genome_Tile_rc|1
ACTTACAGCATCTAATGCACAAATCAAACACTGTTTGCTTAGTTTCTTCTTCTACAGTAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt0441_Genome_Tile_rc|1
CCACACGCTATGTATTTTAAAGAATTGTGCCTTTTGCACAATATGCTGTACTTTTTCCAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt0461_Genome_Tile_rc|1
CAATGTAGGCAGTATCCTTTCCACACGCTATGTATTTTAAAGAATTGTGCCTTTTGCACA
>HPV43_Alpha_40804474_nt1001_Genome_Tile_rc|1
CTTGTGTGCATTTAACAGAGCCTGCGCACTGCTGTGGTCTGTACAACTGTCTTCTAATG
>HPV43_Alpha_40804474_nt2201_Genome_Tile_rc|1
GTATACCATGTAACCATTTTTTTAAAGCACCTAGAAATGCTATAATGTCTATATGTTGAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt2921_Genome_Tile_rc|1
TAATGACATTTGTAATTCAATAGCCAAATATGCTTTTTGTCTTGATACTTCTAGCTGTGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TATGAAATTCTACATAATAGTGCTTTTGCCACATACTGTGTATGATAGGCCTTCATAGT
>HPV43_Alpha_40804474_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TATAGGTATTTTAACACGAGACAAAAAGTCAGCCCTCTGTTGTTCACTAATATATGTTAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TTTACATCATTTGTTAATGCTCCAGGCACTGTTTAATAGTTATAGGTATTTTAACACGAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt3961_Genome_Tile_rc|1
GCAAGAATGCAAATAAAAATGTTAAGTGTAAATATGCCAAGCTTGTCATCTATAACAAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AATATAAAAACGTTAATAGGTGATGTAAGGACGCCCCAAGACAAAAAATAAAAGATAGAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AATACCACACTAACAACGCCAATATAAAAACGTTAATAGGTGATGTAAGGACGCCCCAAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ATGCAATAAAAGGGCTGGCAAATACCACACTAACAACGCCAATATAAAAACGTTAATAGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CATCTTCAAATGTACAGGTTAACATATTTACTGTTATGCAATAGCAGATATAATATACCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TGTTCTGTAATGAAACGCTAACACCAATATTAATACAGTTATAACTGTTACAAGTAACCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4281_Genome_Tile_rc|1
GAGGACTGATGCAACTTAAGTGTCTGTAATGAAACGCTAACACCAATATTAATACAGTT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4301_Genome_Tile_rc|1

AAAGGATTGTTTATTTGCTGGAGGACTGATGCAACTTAAGTGTCTGTAAATGAAACGCTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4701_Genome_Tile_rc|1
TATTGGTAATAGGAGCCCCGGACTGAATTATGCTTGATTCCCTCAATTAAGGACACAATAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TGAAGTAGATGGGGAAACATCTAAAATTGCAGGAACCTCTGATCCAGAGGAGGTTACCTC
>HPV43_Alpha_40804474_nt4801_Genome_Tile_rc|1
GTAGATGTAGTAATATGCACTGAAGTAGATGGGGAAACATCTAAAATTGCAGGAACCTCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TAAATGCAGGATTTAAATGTGTAGATGTAGTAATATGCACTGAAGTAGATGGGGAAACAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt4921_Genome_Tile_rc|1
GGAATTTGTTTCAGCACTATCAGCAGTAACAGTGGAGTGAGATATTATAATACGTCCCCCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt4941_Genome_Tile_rc|1
GTATAACAAACGTATCCATAGGAATTTGTTTCAGCACTATCAGCAGTAACAGTGGAGTGAG
>HPV43_Alpha_40804474_nt4981_Genome_Tile_rc|1
GCAGTGCCTGGAATAGGTGTGCTAGTGGTAGGATCGCTGTGTATAACAAACGTATCCATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5361_Genome_Tile_rc|1
GAAAGGACTGGGAACGTCCTAGGGGCTGCAATTCTATTGATTCCCTCTGTGGGTATGGAAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5381_Genome_Tile_rc|1
ACTAGTATCAGAAACAGTAGGAAAGGACTGGGAACGTCCTAGGGGCTGCAATTCTATTGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GCATATATATCATATAAATCACTAGTATCAGAAACAGTAGGAAAGGACTGGGAACGTCCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GTCAGTAAACTAATATCATTATTTAACAGATTCTCATCTGCATATATATCATATAAATC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TTCTGTAGGGACACGTGTGTGTCAGTAAACTAATATCATTATTTAACAGATTCTCATCT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TATTAACAACCTTAGTAGAATTCTGTAGGGACACGTGTGTGTCAGTAAACTAATATCAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TGTGCATAAATATCAGGTACAGTTGCAAGTGGCACAGCTGTATTAACAACCTTAGTAGAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5541_Genome_Tile_rc|1
AGCTTATGTCAGGCCCCGTTTGTGCATAAATATCAGGTACAGTTGCAAGTGGCACAGCTG
>HPV43_Alpha_40804474_nt5561_Genome_Tile_rc|1
GTGAATAGGAATAGTAGGAAAGCTTATGTCAGGCCCCGTTTGTGCATAAATATCAGGTAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt5601_Genome_Tile_rc|1
ACTGAGGGGAAATAGATGGGGACACAGGAATATATGGAATGTGAATAGGAATAGTAGGAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt5621_Genome_Tile_rc|1
AGTGCCATGTATGGAAACAGACTGAGGGGAAATAGATGGGGACACAGGAATATATGGAAT
>HPV43_Alpha_40804474_nt5641_Genome_Tile_rc|1
GAAGGATGCAAATAAAAATCAGTGCCATGTATGGAAACAGACTGAGGGGAAATAGATGGG
>HPV43_Alpha_40804474_nt5881_Genome_Tile_rc|1
TAGGTACAGTTATTTTACCAGAGGAATTTTAAAGGGGAAATATGGGTGACCCACTGCAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt6561_Genome_Tile_rc|1
TATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCAATATACATATCGGAAGGCAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt6581_Genome_Tile_rc|1
CCACTGGGTGTAGAAAAATATATACTATCTGCAATTTTGGACCTGGTATTAGAGCCAGCA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TAGTTTTTTTGC GTTTTAGAGGCAGGGGACAGCTAGAGGAGGATGGTGCAGAACGCTTTA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7341_Genome_Tile_rc|1
TTTCTATTTGTCATTGCAACAATACATACAACACATATACACACATACACAAACAAGTAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt7521_Genome_Tile_rc|1
CAACAGTAACCATTTACTAAAACCAAAGCCAGTTACAAATAGTAAACTCAAAAACACAGGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7541_Genome_Tile_rc|1
GACGCCATTTTACATACCCACAACAGTAACCATTACTAAAACCAAAGCCAGTTACAAATA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7561_Genome_Tile_rc|1
AACAAAATGGAAGACGTTTCAGACGCCATTTTACATACCCACAACAGTAACCATTACTAAA

>HPV43_Alpha_40804474_nt7661_Genome_Tile_rc|1
AAAAGTGTGCCAACATATTTTGGCAGGGGCACAGTAACCTTTGCAAATTATGCTGACACC
>HPV43_Alpha_40804474_nt7761_Genome_Tile_rc|1
AAGAATAAAAAGGTAATAAAACATAGAGGTGAAAAGGTACATTTGTATAGTAAAAGTGGA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7781_Genome_Tile_rc|1
AAACAAATATATATGTCAAAAAGAATAAAAAGGTAATAAAACATAGAGGTGAAAAGGTAC
>HPV43_Alpha_40804474_nt7801_Genome_Tile_rc|1
AAGCTATTAGTAACATGAAAAACAAATATATATGTCAAAAAGAATAAAAAGGTAATAAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7821_Genome_Tile_rc|1
TTCATTTATGTGAGCCAAAAAGCTATTAGTAACATGAAAAACAAATATATATGTCAAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7841_Genome_Tile_rc|1
TACATATTTTATGACTGCAGTTCATTTATGTGAGCCAAAAAGCTATTAGTAACATGAA
>HPV43_Alpha_40804474_nt7861_Genome_Tile_rc|1
CTTACCACAACACTTACTCATACATATTTTATGACTGCAGTTCATTTATGTGAGCCAAAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt0081_Genome_Tile_rc|1
AAAGATATTGGTAGGTGTGTAGCGTCCGTTGGGCATGACTGTCCCGTTGCACATACACCG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt0101_Genome_Tile_rc|1
TCATATTCTTGACATAGCAAAAAGATATTGGTAGGTGTGTAGCGTCCGTTGGGCATGACT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt1661_Genome_Tile_rc|1
CTCTGGAATATTTAATATAGTGCCATACAGTGTGCCACTGTTTCCCTACTTTTGTGCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt2521_Genome_Tile_rc|1
AGAAACGGAAACACCACATTCTGCTCCGTAAATACTTTAAACTGTCATCTGCCTCTATA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3521_Genome_Tile_rc|1
CTGATACAGTTGTCCCGTGTCCACTGTGTGTTGTTAGGGTTATTGTTTGTCCGTGTGTAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TACAGTATTATGCACAATGCTTTATACACACATAGACATATGTCCCTGTGTAGCCACAAT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TGTATTATACAGCTAGGTTACATACAGGTACACCAATGTATACAGTATTATGCACAATGC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TATATGTCAGGTATGCAAAATGTATTATACAGCTAGGTTACATACAGGTACACCAATGTA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TAAGGTCCAGGGTTGTGCTGTATATGTCAGGTATGCAAAATGTATTATACAGCTAGGTTA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TGGTTGTGTGATTTACTTATAACACTTCAATGTACCACAGTACCTGCATATACAAAAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CAAAATTAATGCCAATATACCAACATCTCCACGCTCAAACAATACTATATCATATCCACC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4221_Genome_Tile_rc|1
AAGATAATAGCAATCAGTAACAAAATTAATGCCAATATACCAACATCTCCACGCTCAAAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TGCGTATGTATAACAAAATTAAGATAATAGCAATCAGTAACAAAATTAATGCCAATATAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4321_Genome_Tile_rc|1
GTTTTCGACGGGATTTTGGCATGGTACCAGTTTATTACAAACAATACAAAATTACAATAC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt4481_Genome_Tile_rc|1
CCCGATGAGGTGCCAATGCCAAGGCCACCGAAGAAGACACCCAGGCTGGCCCACTTAAGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GCTGTGCAATGATGGAAGAGAGGGCCCCCGTAACACAGAGGACAAATGGGTATCATCAGC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GTAGATGCTGTAGGGGTAGAGCTGTGCAATGATGGAAGAGAGGGCCCCCGTAACACAGAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TGGACGTGGCCGACACCTTTGTAGATGCTGTAGGGGTAGAGCTGTGCAATGATGGAAGAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5481_Genome_Tile_rc|1
ATAATGGGAAGAGGATAGTATGGACGTGGCCGACACCTTTGTAGATGCTGTAGGGGTAGA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5541_Genome_Tile_rc|1
AATATCGGGACCTGTATATAGGGGCACATCTGTTGCAGACAAGGGGACTGTTACATTGTC
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5881_Genome_Tile_rc|1

TTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAACTGGATAGTAAGGGTGACCCACAGTAAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt5901_Genome_Tile_rc|1
GACACCTTTGGAATATTGGATTTCTTGTCTGACCAGGGGTGGTAACAGTAACTGGATAG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6281_Genome_Tile_rc|1
TAGAATTAGTAAATTGCAATGGTGGACAATCCCCTGTCTTGGGCTGTACATTGGCACAAA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt6581_Genome_Tile_rc|1
CATACACATAACTGCTTAAAGAGGCCCTAGGGCCAGACGACGCCCCCTTCAAAAAATAGG
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt7261_Genome_Tile_rc|1
AACATAAAAAAGTACATACCAAACAGACATACAATATAGCACACACACCACACTACTTTTT
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt7281_Genome_Tile_rc|1
AACAAACACAATACATACAAAACATAAAAAAGTACATACCAAACAGACATACAATATAGCA
>HPVcand87_Alpha_14475578_nt7301_Genome_Tile_rc|1
ATACATACAAAGCATATACAAACAAACACAATACATACAAAACATAAAAAAGTACATACCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CCTCCGGCCCCGTTTGTACCATCTATCCCATCCCCGCCATTGGTACCTTCCGCATCGGCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1001_Genome_Tile_rc|1
GTTCAACCGCGGGCTCAATTCACAGTCCACCCAGGATACACATGAGCTTGTTCAGGACT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1261_Genome_Tile_rc|1
TTACTGGTTTTTAACAGCTCTACAATACTTGCTGTGCGTTCCTGCGATTGTTGCACATCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt1821_Genome_Tile_rc|1
CATTGGGGTTCGTATTGCCAGCAATGCGTATTGATATGCTAGGTCACCTTCGTCCACTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2061_Genome_Tile_rc|1
TGGGTATATTTCTTAAAAACATTTTTAGTGCACCTCATAAATGTCACAAAATCTATTTTTT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2081_Genome_Tile_rc|1
TATTACTATACAGCTTTTTTTGGGTATATTTCTTAAAAACATTTTTAGTGCACCTCATAAA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2361_Genome_Tile_rc|1
TTATATTGGTGGTAATAAATAAGGGAGGACATTGTATCTGTGTCAGGTTTTTATGTTTTT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2401_Genome_Tile_rc|1
CTACTATGCAGGTATTTTAGATTTGCGTCTTCCAAAGGATTTATATTGGTGGTAATAAAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt2421_Genome_Tile_rc|1
TAAAGTGGAATACTGCAATTCTACTATGCAGGTATTTTAGATTTGCGTCTTCCAAAGGAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3021_Genome_Tile_rc|1
GCTTACCTTTCCTTGTACTTTACACCATTGCTCGGTATCTGTTTGACATATATGTACCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TCGTAGTATAGCCCTTCATAGCTTACCTTTCCTTGTACTTTACACCATTGCTCGGTATCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3241_Genome_Tile_rc|1
TGGTGGTGGGTTCGGGGGTGTGTAGCAGTCTAGTAGTTTCAGCAGGGGGTATCTCTCGCA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3661_Genome_Tile_rc|1
TGCCTTTTGGTATTGTTACACGTTGCAGGAATTCCTGTGCGTTGTTCTATATTGGCATAACC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3681_Genome_Tile_rc|1
ATACCCTTGCAATTGCTTGTATGCCTTTTGGTATTGTTACACGTTGCAGGAATTCTGTGCG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3761_Genome_Tile_rc|1
AATATTGTTTACACACGTAGCTATATGTGATTACAGTAATATATATGTACATATATATAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt3781_Genome_Tile_rc|1
GGCTCAGATACAGCACAAACAATATTGTTTACACACGTAGCTATATGTGATTACAGTAAT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4081_Genome_Tile_rc|1
TGCATACCTACTAAACACCTGCAAATACACCTACTATGTATATACACAATAGCAGCAGTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AGGAGCGTACCATAACAGGATGCATACCTACTAAACACCTGCAAATACACCTACTATGTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TTGTATATAGCAAACAGTATTAATGCCACTATGAGGCACAATAAAAAACAGTAGACCACTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4221_Genome_Tile_rc|1
GTAGTTACAATTGCAACAACCTTGTATATAGCAAACAGTATTAATGCCACTATGAGGCACA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4241_Genome_Tile_rc|1
ATATGGTATGTACAACGCTGGTAGTTACAATTGCAACAACCTTGTATATAGCAAACAGTAT

>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4261_Genome_Tile_rc|1
ATAAAGCAACAATAACAGAAATATGGTATGTACAACGCTGGTAGTTACAATTGCAACAAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4801_Genome_Tile_rc|1
AGTATATGCAGGATTTAAAAAGTTGGTACTGCTAACCTGTACAGTGGTACCGGTAGGGGA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt4861_Genome_Tile_rc|1
ACTGGTAAGCACATGACCCGAAAGCTCACCAGTTTGGGGAGGGTCTATAATGGATGGCTC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5461_Genome_Tile_rc|1
ATTGCTGGGAACCAAGGGCCTGGAAGACATAGAAGGCACAGACTGTAATACAGCATCAAG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TAGTATGAGAGGATGCCACAGACGTGGCAGATATGGTGGCATTGCTGGGAACCAAGGGCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5601_Genome_Tile_rc|1
GGCGTTAGCACAGACACAGGTACAGAAAAC TGAGGCAATTCCACATCAGGGCCAGTGGAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5621_Genome_Tile_rc|1
GGGTAGTTGCAGGGAAGGAAGGCGTTAGCACAGACACAGGTACAGAAAAC TGAGGCAATT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5641_Genome_Tile_rc|1
TACAATATATATAGAATATGGGGTAGTTGCAGGGAAGGAAGGCGTTAGCACAGACACAGG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt5681_Genome_Tile_rc|1
GGAAAAAATATAGGAAGGGAACAAATAATAATCAGAACCTACAATATATAGAATATG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt6241_Genome_Tile_rc|1
GGGCATAAGGTACCTTTGGTCCAGTGCTCTCCTATAGGGGGCTTACACCCCAATTAAC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7321_Genome_Tile_rc|1
TATACAAACAGGCCATACATACATATAACAAAACACACTGACAAACGCGCACAACACAGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7341_Genome_Tile_rc|1
AGGGGGGTACATACACAACATATACAAAACAGGCCATACATACATATAACAAAACACACTG
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7561_Genome_Tile_rc|1
GTCGGGGTAACACAATGGGGTCATACAAAATGTAGCACACAAAATGGAGGCACTAATGTA
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7741_Genome_Tile_rc|1
GCACTGTATAATTTGTGTGCAAAACAGTTGTAGGCCGCCAAGAATATGTCAGGCACGCCC
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7901_Genome_Tile_rc|1
CCCACCTTGATGTTAAACAGGTTTGCACAAAGCATGCTTAGTTTATAGGACACATAGT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7921_Genome_Tile_rc|1
AAAGTAGACTTACACATTGCCCCACCTTGATGTTAAACAGGTTTGCACAAAGCATGCT
>HPVcand62_Alpha_39932599_nt7961_Genome_Tile_rc|1
CTTTATTATACAGATGATTGTTGTAAATTATTATAAGGGAAAAGTAGACTTACACATTGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0081_Genome_Tile_rc|1
GTAGGGTCGGGTAGCTGGATTGCCAAATTCAGCCATCCTATTACATGTACTGTAAGCTGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0121_Genome_Tile_rc|1
GCAGTGATGTGTCCAGTGTGTTGCATAGGTCTGGTAGTTTGTAGGGTCGGGTAGCTGGAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0341_Genome_Tile_rc|1
TATATATTGCTATTTGTTAGTTTTTCTAACGTTTCCCCATACACAGAGTCGCTATAATAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TTTAGTTTTTCTGCCGACATAAAGGTTTTTGACACCGTAAACACCTTATTAATATATCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0501_Genome_Tile_rc|1
GCGGCTGCCTTGCTGTTCTTGTGCACGCGTCATGCACCGGCGACACTGTCTCTATATTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0621_Genome_Tile_rc|1
ATTCCTCATAGCAATACAGGTCAACCTCTTGCACTTCATTATATGGTTCCAAATCTAACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0661_Genome_Tile_rc|1
GCATTATCTGGTTCATCTATTTCTTCTCTGAGTTGTTTAATTCCTCATAGCAATACAGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt0681_Genome_Tile_rc|1
GTGGTTGTCGGTGATTAATTGCATTATCTGGTTCATCTATTTCTTCTCTGAGTTGTTTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1181_Genome_Tile_rc|1
GCTATGTATACTTGCTGTATCACGACATGGACTGTTTTCTGTGCTGTGTGCTCCATACTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1261_Genome_Tile_rc|1
TCTGGCACTGAACACAGCCTTCGTTTAGCTGTATTATTATAGCTATTTAACGATATTTCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1381_Genome_Tile_rc|1

TTATCTGTACTACATGCCTCACTATTTAAACCGTCGCCATTTTTCCCATCCCCAAACACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1461_Genome_Tile_rc|1
CTTTTTTATTATTTACTTTTAATAAGGACACAATTTGTGTCATTGGTGAGTTTGGATTTT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt1481_Genome_Tile_rc|1
AAATTTAGCCAATATTGCTGCTTTTTTATTATTTACTTTTAATAAGGACACAATTTGTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt2441_Genome_Tile_rc|1
ATAGGACCAGCATGTTGGTGTTCATCATCTACCATAGCTATCTTAGTGTCTGTTAACGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt2761_Genome_Tile_rc|1
GTTGGGATAGGGCATCCATCATTTTTCTGTATCCTCCTCTTCCTGGTGCAAATCTAATCTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt2861_Genome_Tile_rc|1
TTTTCCAGACGTACACACTTCCAATAGTCTATTTGATCACATATGTCTGTACTATCAGTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TCTTGGCACGTATCTTGCAATGTCCACAGTTCATTTTTAACTCTGATTTAGCAAGACTC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3141_Genome_Tile_rc|1
AGATGTATAATGCATAGTATTGTCTTTGTCTCCATCATACCGTACTTCGACGGTTTGTCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3161_Genome_Tile_rc|1
ACATAATATATATAGTCCCAAGATGTATAATGCATAGTATTGTCTTTGTCTCCATCATAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3181_Genome_Tile_rc|1
ACCACTTATCACCTTCTGTTACATAATATATATAGTCCCAAGATGTATAATGCATAGTAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3241_Genome_Tile_rc|1
TTTGTGTGCCCTCCTTTATATAATACAATCCACAATAATTCACATAACCTTTGGTTTTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3261_Genome_Tile_rc|1
TTTAAACTGTACATAATATGTTTGTGTCCCTCCTTTATATAATACAATCCACAATAATT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3281_Genome_Tile_rc|1
CCATATTGTTGTGCATCACATTTAACTGTACATAATATGTTTGTGTGCCCTCCTTTATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3321_Genome_Tile_rc|1
TTTTTTTACCATTATACCACACTTCCCATTTACCGCTCTGTCCATATTGTTGTGCATCACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3341_Genome_Tile_rc|1
CAGGTATTTACACATTCAATTTTTTTTACCATTATACCACACTTCCCATTTACCGCTCTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3361_Genome_Tile_rc|1
AACATTGTATTATTTTGTTCACAGGTATTTACACATTCAATTTTTTTTACCATTATACCACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3381_Genome_Tile_rc|1
GGTACTGTACATAGATTCAGAACATTGTATTATTTTGTTCACAGGTATTTACACATTCAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3401_Genome_Tile_rc|1
GCGGATACTGTCTCGTTCACAGGTACTGTACATAGATTCAGAACATTGTATTATTTTGTCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3461_Genome_Tile_rc|1
ACGGTGGTGGCTTCGGTATACGGTGTGGTGGGGTGTGTGAATTCTCTAGCAATTGCAGTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3501_Genome_Tile_rc|1
GTTTCTAGTCGGCGCCGAACCCCCGCTCTTTTGGGTGCACACGGTGGTGGCTTCGGTATA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3561_Genome_Tile_rc|1
GTGGTCCACGGACAGTCCGTCGACTTCACTTGTTTCTGTGAATCCACAATGTCTGAATGG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3581_Genome_Tile_rc|1
CTAAGCAGGGGGTGTGTGAGGTGGTCCACGGACAGTCCGTCGACTTCACTTGTTTCTGTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TGGAACCTTTGTAGCCTGTATCGCAAACACTTTAATCTATTTTTTATCACCTTTTAGGTGC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3721_Genome_Tile_rc|1
ATATTTGTGTATATAAATTATGGAACCTTTGTAGCCTGTATCGCAAACACTTTAATCTAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TATCCAATGCCACGTACATGATATTGTGTATATAAATTATGGAACCTTTGTAGCCTGTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CTTGTTGTTTCTTTACCACCTATCCAATGCCACGTACATGATATTTGTGTATATAAATTA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CCAATGTTAATATACCAGTCCTTGTTGTTTCTTTACCACCTATCCAATGCCACGTACATG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3821_Genome_Tile_rc|1
ACATCCAAAAATTTTTGTCTTTGGGTTTCATTGTCATATGCCAATGTTAATATACCAGTC

>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3861_Genome_Tile_rc|1
ATAACCAAGGGATACATTAAACAGTATTAGGTATTTTTACAACATCCAAAAATTTTTGTCT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TACCCCTATTACAATGTCATATAACCAAGGGATACATTAAACAGTATTAGGTATTTTTACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CAAAAATACAGCAATTAACATACCCCTATTACAATGTCATATAACCAAGGGATACATTAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AAAAGGGGTAGTAATAAAAACTATTAAACAAAAACACAAGTAGCCAAGCATGCGCACACAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATATATACAATAAATGCAGTAAAAGGGGTAGTAATAAAAACTATTAAACAAAAACACAAGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TTGGCAATATAAAAAAATATATATACAATAAATGCAGTAAAAGGGGTAGTAATAAAAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4081_Genome_Tile_rc|1
GTGCAATGCAATAAAAAACATTGGCAATATAAAAAAATATATATACAATAAATGCAGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TAGTCAAATGTATGTACACTGTGCAATGCAATAAAAAACATTGGCAATATAAAAAAAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4121_Genome_Tile_rc|1
AATACAGGTTATATAGTACTTAGTCAAATGTATGTACACTGTGCAATGCAATAAAAAACA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ACCAATGTAATGTCCTGTACAATACAGGTTATATAGTACTTAGTCAAATGTATGTACACT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4161_Genome_Tile_rc|1
TTACAAAAAGGTATTACACTACCAATGTAATGTCCTGTACAATACAGGTTATATAGTACT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4181_Genome_Tile_rc|1
ACGATGGGATACCATGTTTATTACAAAAAGGTATTACACTACCAATGTAATGTCCTGTAC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4541_Genome_Tile_rc|1
TGTGCCTGTAAATGTAGGAACAGGAGCTCCAGATGTAACAATACTGGACTCTTCAACTAA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4761_Genome_Tile_rc|1
TGTGCATTGGAATTTCCCTCGTATCCATGTGTCCCAGATGTAGGGGTAGTAATAAAAAATAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4881_Genome_Tile_rc|1
AATTAGTTATTTTAACTTGTTGATACGCTTGACTATATAATCTAGGTCCTGCCACACGCC
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4921_Genome_Tile_rc|1
GTAAATGTAACCAACGTAGATGGACGGGATATAAAGTCTGAATTAGTTATTTTAACTTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TAGGCTCATATGCAGGATTGGTAAATGTAACCAACGTAGATGGACGGGATATAAAGTCTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt4981_Genome_Tile_rc|1
GGCACAACATCCTGTGGTGAAAAGGTTAATGTAGTGTCTATAGGCTCATATGCAGGATTG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GAAATATTTCTATCATATAGCATGGCATTATTATCAATATCAGTGTGTCAGCATAAATGTCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TGGTAGGTTGTGTAACATCAGAAATATTTCTATCATATAGCATGGCATTATTATCAATAT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TACACTAGATATAGTTGAAGTGGTAGGTTGTGTAACATCAGAAATATTTCTATCATATAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GTATTACTATAACGAGAGGATACACTAGATATAGTTGAAGTGGTAGGTTGTGTAACATCA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5361_Genome_Tile_rc|1
ATGTTGCTAAAGGAATAGTAGTATTACTATAACGAGAGGATACACTAGATATAGTTGAAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5381_Genome_Tile_rc|1
ATGAACAGGAACATCCCAAGATGTTGCTAAAGGAATAGTAGTATTACTATAACGAGAGGA
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5421_Genome_Tile_rc|1
ACTGGGGTATAGTAGGTAATGTCATGTCAGGCCCTGTATGAACAGGAACATCCCAAG
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5441_Genome_Tile_rc|1
TAAAGGTACTATATTAGGCCACTGGGGTATAGTAGTAGGTAATGTCATGTCAGGCCCTGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GAATGTGTATTATTAGGCAGTAAAGGTACTATATTAGGCCACTGGGGTATAGTAGTAGGT
>HPVcand85_Alpha_4574720_nt5481_Genome_Tile_rc|1

[illegible]

>HPV74_Alpha_27462483_nt3581_Genome_Tile_rc|1
ATTAGCATATGTTAGTGTACTAGTGCATGTTTTGTGGGTATAGTGGGACTGGTCCAATG
>HPV74_Alpha_27462483_nt3621_Genome_Tile_rc|1
GTAGTCTTACAGTATCTAAAACTGTTGTCGCTGTTGTTTCATTAGCATATGTTAGTGTTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CTTATAACTAATTGTTGTAGGTAGTCTTACAGTATCTAAAACTGTTGTCGCTGTTGTTTC
>HPV74_Alpha_27462483_nt3661_Genome_Tile_rc|1
TGTAATGACATATATCCCAACTTATAACTAATTGTTGTAGGTAGTCTTACAGTATCTAAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3681_Genome_Tile_rc|1
CAATGCACTATTACAACAATTGTAATGACATATATCCCAACTTATAACTAATTGTTGTAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt3701_Genome_Tile_rc|1
TACAATACATACAATATTTACAATGCACTATTACAACAATTGTAATGACATATATCCCAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt3721_Genome_Tile_rc|1
CTATAGGTATTAGGTCCATGTACAATACATACAATATTTACAATGCACTATTACAACAAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TAGAATGAGTGTTAGTACCAGTATGGATGTATATACAAAAAATCAGTTATTGCTATAAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TAGTTACTCTAAATTATGTAAATATATAAATGCAAAGAAAACGCAGGTAGATAGCACAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt4081_Genome_Tile_rc|1
TGCATTAACAATAATGCAAGAATAGCTACGATAAGTGCAGTTAACAACCATATAACAAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AAGGCGTTACACCCTTGAAATGCATTAACAATAATGCAAGAATAGCTACGATAAGTGCAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt4141_Genome_Tile_rc|1
ATACACAGCATGTATAAAAAACACTTATTTACTGCATACAGAAGGCGTTACACCCTTGAAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt4681_Genome_Tile_rc|1
ACCAGCCTCTACGGGGGTTGAGACTGTATAACAGAAGGGTCAGTAAACGAGGGATTTCT
>HPV74_Alpha_27462483_nt4701_Genome_Tile_rc|1
GAGGAAATCAGCACATGACCACCAGCCTCTACGGGGGTTGAGACTGTATAACAGAAGGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt4761_Genome_Tile_rc|1
GAGGAGACAATAAATGTATCTAAAGGTATTTCCCTCTACTGGATGGGAAGAAACAGTAGAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt5001_Genome_Tile_rc|1
AGGCGAATAATGTCCATAAAGGCATCATCAGGAGGATTATGTATTGTATTGTGTTGAAAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt5721_Genome_Tile_rc|1
CAGACACTTTAGGAACAACCTGTTTTGTTAACCTGTTTTATAGGGAAATAGGGATTTCTTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt6101_Genome_Tile_rc|1
ACTAGTAATTAATTCTAATGCAGGGCAATCGCCTGGCTTTACAGTAACATTAGAACATTG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6401_Genome_Tile_rc|1
GGTATTAAAGTAAATAGCATTGGCAAGTGTACCACGTGTAGTACCCTTAATATATAGGTC
>HPV74_Alpha_27462483_nt6601_Genome_Tile_rc|1
TCTGTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAGTAGGCGCACACACTGTCATG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6621_Genome_Tile_rc|1
GTCTCATGTATTGTTTGTAGTCTGTACTAGTATATGTAGCAGCAGGAGGGGATTGTGTAG
>HPV74_Alpha_27462483_nt6881_Genome_Tile_rc|1
CTTAAGATTTACTTCCCAAAACTTAAATTTGGCATAGGGATTAGGCTTTGCTTTATCAGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7021_Genome_Tile_rc|1
TTCTGTTTAGTGGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAACGCTTTTTACCTACACGAACC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7041_Genome_Tile_rc|1
GCTATCGTTTCCTAGAGCGTTTCTGTTTAGTGTTGAGGAGGGGGCTGTAGGGGCCGAAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7061_Genome_Tile_rc|1
AACACACAAAACAAAAGCATGCTATCGTTTCTTAGAGCGTTTCTGTTTAGTGTTGAGGA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7081_Genome_Tile_rc|1
TATACCATGCAACAACATATAACACACAAAACAAAAGCATGCTATCGTTTTCCTAGAGCGT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7101_Genome_Tile_rc|1
ACAATATAATACACACACATATACCATGCAACAACATATAACACACAAAACAAAAGCAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7141_Genome_Tile_rc|1

CAAGTACATACAACATAAACCATACAACAACATATGACACACAATATAATACAACACACA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7181_Genome_Tile_rc|1
CATACAACATTACACAACATGACACATACAATATGACACACAAGTACATACAACATAAAC
>HPV74_Alpha_27462483_nt7241_Genome_Tile_rc|1
TATTGTACACAACAAACACATACATGCAGTACATACAACAGTAAACACATACAGGCAGTA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7261_Genome_Tile_rc|1
ACACAGGGATAGATAAAGTTTATTGTACACAACAAACACATACATGCAGTACATACAACA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7281_Genome_Tile_rc|1
CACGTACAGGGTAAAACAGGACACAGGGATAGATAAAGTTTATTGTACACAACAAACACA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7301_Genome_Tile_rc|1
GAATTATAAGACAAGACACACACGTACAGGGTAAAACAGGACACAGGGATAGATAAAGTT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7321_Genome_Tile_rc|1
AAAGGTAAATTAGGTATATAGAATTATAAGACAAGACACACACGTACAGGGTAAAACAGG
>HPV74_Alpha_27462483_nt7441_Genome_Tile_rc|1
CTTGGCAAACAGTATATAGGATTACATAAAATGCTTGCTGCAACAAATGGTTACAGGAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7581_Genome_Tile_rc|1
CAACTACAAAAATGTATTAAACAAAGTACCCAATTGTTAAACAGGCAGACAGGAGTGTAT
>HPV74_Alpha_27462483_nt7601_Genome_Tile_rc|1
TGCTTTTAAAGTTGGCTACCAACTACAAAAATGTATTAAACAAAGTACCCAATTGTTAAA
>HPV74_Alpha_27462483_nt7741_Genome_Tile_rc|1
GGTAAATTTGTTATTATGTATAATAAGGAAGTGCAGAGGGCGTGTGTTAACCGATACCGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CTCTGGGATCTTGAAACATAGCTGGTTTTGTGTATGGCTGTGTCTTTTACTTTTATATGC
>HPV69_Alpha_6970418_nt1021_Genome_Tile_rc|1
CTGCGCTACCTGTTGCTCTGCCCCATCACTAATATTACTATCATCTATAAATCCAATTAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt1341_Genome_Tile_rc|1
GCTCCTATGTCCACCTCCATGTCTGATACAGATCCACTTGACCCCCCTGACTACACACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TGGTTACACTACTTGCCTGTGCTCCTATGTCCACCTCCATGTCTGATACAGATCCACTTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt1661_Genome_Tile_rc|1
ATTTTTTAATTGTTGCTCTATTTTTTGGCACATGTAAATCGTATTAGCATTAGTGGTAGTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt2121_Genome_Tile_rc|1
AGAAATCTTGCTATGTCCTTCCACGTTCTCCATCTTCTATTTTTGAACACCTATGTTGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt2141_Genome_Tile_rc|1
AATTAACATTTTGATATCTTAGAAATCTTGCTATGTCCTTCCACGTTCTCCATCTTCTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt2541_Genome_Tile_rc|1
ATAACTGTTACTCTACTATGTAAATACATTAATGAATTGTCGTCCTTGTGGATTAATGTTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt2981_Genome_Tile_rc|1
CACATACAATTCATAACACGTGTCTCTCATAGTCCATTTCTCTTTTCCATATTCTGAATT
>HPV69_Alpha_6970418_nt3001_Genome_Tile_rc|1
AAACAGTGTTTTGGCTCTGTACATACAATTCATAACACGTGTCTCTCATAGTCCATTTT
>HPV69_Alpha_6970418_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TCCCCTTATAATCCACTTCTCCATTTGTTTTACACCATCCCATATCTGTTTTATAATACA
>HPV69_Alpha_6970418_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TCCACATAGTACTGTTTACAACACCCATGCATATAGTATATCCCCTTATAATCCACTTCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TTAACGCCTCTTGTTTAAAGTCCACATAGTACTGTTTACAACACCCATGCATATAGTATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt3741_Genome_Tile_rc|1
GTGGTATCTTAACAGTTGTAAGAAAAGTAGCACGTTGTGTTTCACTATCAAATGTAATTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TGTATATATGTTACACTATAGATTACAATGACATTATACCCAATGTTGATGTTATACTCT
>HPV69_Alpha_6970418_nt4041_Genome_Tile_rc|1
CAAAAATGCAGGTATATAAAACAAACAAATATATACAAAAACGTAGCTGTAAATGATGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt4081_Genome_Tile_rc|1
ATAAACCATTAGGTAGTAAAATTACAGCATAAAAATGTAACAAAAATGCAGGTATATAAA

>HPV69_Alpha_6970418_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CCATTATGAAGTGTGTTTATTTATAAACCATTAGGTAGTAAAATTACAGCATAAAAATGTAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TCGTGATGCACGAACAGCCACCATTATGAAGTGTGTTTATTTATAAACCATTAGGTAGTAAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4461_Genome_Tile_rc|1
TAGGAAATGGAGATCCAGATTGTATAATACTTGATTCTTCTACTAAAGTAACTATGGAAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt4561_Genome_Tile_rc|1
CTGGTAACGTGTACAGTTCCAGGGGAGGGGGTAATATCTAACACAGCAGGGGTTGTAGTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4581_Genome_Tile_rc|1
ATGGGTTTTGTATATTTGTGCTGGTAACGTGTACAGTTCCAGGGGAGGGGGTAATATCTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4621_Genome_Tile_rc|1
TCTCCAGACTGAGGAATATCTACAGGTGGTTCAATATATAATGGGTTTTGTATATTTGTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt4641_Genome_Tile_rc|1
TAAAAATGTGTCCCTAAAGCCTCTCCAGACTGAGGAATATCTACAGGTGGTTCAATATATA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4661_Genome_Tile_rc|1
ACCGGCAGTAGATGTGCTAGTAAAAATGTGTCCCTAAAGCCTCTCCAGACTGAGGAATATC
>HPV69_Alpha_6970418_nt4901_Genome_Tile_rc|1
TGCAGAAAATGTGAGGGTAGTGTCCATAGGTTTCATATGCAGGATTATCAAAGGTAATAAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt4921_Genome_Tile_rc|1
TCAGGGGCCACGTGGCTATCTGCAGAAAATGTGAGGGTAGTGTCCATAGGTTTCATATGCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5121_Genome_Tile_rc|1
TAATTAAAGGTTGTAATTCATAGCTTCTCTGTAGCATGTATAGGACTTATGTCATGAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TGTAGAGTGCTGTTCTGAAGTAATTAAGGTTGTAATTCATAGCTTCTCTGTAGCATG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GCATAAACATCAAACAATGGTGTAGAGTGCTGTTCTGAAGTAATTAAGGTTGTAATTC
>HPV69_Alpha_6970418_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TAGGGGCAGGGTCAGCATCAGCATAAACATCAAACAATGGTGTAGAGTGCTGTTCTGAAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5201_Genome_Tile_rc|1
AGTAGATGGAAATGTAAATGTAGGGGCAGGGTCAGCATCAGCATAAACATCAAACAATGG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5221_Genome_Tile_rc|1
CTAGGGATTGTAGTAGGTGTAGTAGATGGAAATGTAAATGTAGGGGCAGGGTCAGCATCA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AAAATATTGTAGAAGAAAATCTAGGGATTGTAGTAGGTGTAGTAGATGGAAATGTAAATG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GGGTGCACTACTAGTGGTTGAAAATATTGTAGAAGAAAATCTAGGGATTGTAGTAGGTGT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5281_Genome_Tile_rc|1
AGAGGTATGGTAACATTTAAGGGTGCACTACTAGTGGTTGAAAATATTGTAGAAGAAAAT
>HPV69_Alpha_6970418_nt5301_Genome_Tile_rc|1
GTATATCAAATGATGTAGATAGAGGTATGGTAACATTTAAGGGTGCACTACTAGTGGTTG
>HPV69_Alpha_6970418_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GTCAGGGCCGTTATATATAGGTATATCAAATGATGTAGATAGAGGTATGGTAACATTTAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt5361_Genome_Tile_rc|1
GAATATAAGGCCATGTGGAAGAAGGTACAGGAGCATAAATGTCAGGGCCGTTATATATAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt7181_Genome_Tile_rc|1
AACACATTCATTGTTTATTAAATAACAAGCATGCAGTAAACCACACAAACAGGAAAACAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt7201_Genome_Tile_rc|1
GAGGAAGAAATAACAAATACAACACATTCATTGTTTATTAAATAACAAGCATGCAGTAAA
>HPV69_Alpha_6970418_nt7221_Genome_Tile_rc|1
TTACTTCCCTATACCCTACGGAGGAAGAAATAACAAATACAACACATTCATTGTTTATTA
>HPV69_Alpha_6970418_nt7241_Genome_Tile_rc|1
CACCTAAACACTACCTAAGTTACTTCCCTATACCCTACGGAGGAAGAAATAACAAATAC
>HPV69_Alpha_6970418_nt7401_Genome_Tile_rc|1
TGCAACTATTGTTAAAAGATATGTGAGTAATGTAGGTGAGCCACGTCTAGGCAAGCCAAG
>HPV69_Alpha_6970418_nt7541_Genome_Tile_rc|1

TTGTTAAAAGGAATGTGTCAGACATATAGTTGGCATAAAACAGTAAAACTGCTAGCCAAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt0041_Genome_Tile_rc|1
TAGTACAAGCATAATAATTGTTACTAATAACCACAAAGAATGTAAGGTGTGCAGCGACCG
>HPV91_Alpha_22023568_nt0381_Genome_Tile_rc|1
GTTACTGCTAATGCCGCGTACTTAAAATGCCTATATTGGCTTATTTTACCATAAAATTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt0421_Genome_Tile_rc|1
GCACAACCTCGAATACAGTTTGTGTGTTTCTTCCTCTACTGTTACTGCTAATGCCGCGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TGGCACTTACAACAGCGAATGCACAACCTCGAATACAGTTTGTGTGTTTCTTCCTCTACT
>HPV91_Alpha_22023568_nt0461_Genome_Tile_rc|1
CTATAGGCGACAATGGCTTGTGGCACTTACAACAGCGAATGCACAACCTCGAATACAGTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt0521_Genome_Tile_rc|1
CCTTCCACGCGTTACTTATGTAAAAAAGTGGGCTTTTGCACAATGTGCTGCACCTTTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt0541_Genome_Tile_rc|1
CCAGCAGTGTAGGCAATATCCCTTCCACGCGTTACTTATGTAAAAAAGTGGGCTTTTGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt1681_Genome_Tile_rc|1
CATCGGCATGTAACCCATTGGGTATGTAGGTATAATGTTTGTCTTTTAATAACATATGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt1841_Genome_Tile_rc|1
GGCTCTAAACCAAACAGTGTCTGGAGCGCTTTGTAATTTTGGAGGCTGTATCAATAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt3581_Genome_Tile_rc|1
TTCGAATGCTTAGGGATGATTTCGTGGGTCTCTACTGTCCAATGGGCTCTCCTCCAACAGTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt3821_Genome_Tile_rc|1
GGAATTTTTTACATTAGCTAAAAACGCCTCCCTTTGTTGTACACTAGCATATGTTAATGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt3841_Genome_Tile_rc|1
AACAATGTTTAATTGTTGTGGGAATTTTTACATTAGCTAAAAACGCCTCCCTTTGTTGTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt3861_Genome_Tile_rc|1
CATAATTGTTAAAAATCCTAAACAATGTTTAATTGTTGTGGGAATTTTTACATTAGCTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt3921_Genome_Tile_rc|1
ACAGTTCCACTATACAAGCAATATACAAGGTAGTTTTACAAATTCATAGGGTACTATTTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt3941_Genome_Tile_rc|1
ACACCCTTAACGTCACAGTAACAGTTCCACTATACAAGCAATATACAAGGTAGTTTTACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4041_Genome_Tile_rc|1
CAATTATGCAAACAAGCACATTAACTAATAAAATGCCAAGCTTTACATCTATTAACAAAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4161_Genome_Tile_rc|1
ATATAAACACGTTAGTAAGTGATATAAGTGCAGACCAAGATAAAAAGTAAAGTATAGAAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt4181_Genome_Tile_rc|1
AAACCACACTACAAGTATTAATATAAACACGTTAGTAAGTGATATAAGTGCAGACCAAGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TGTAATAAAAAGGGCCGGTACAAACCACACTACAAGTATTAATATAAACACGTTAGTAAGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TGTAATATGTAATATGTAAATGTAAATAAAAGGGCCGGTACAAACCACACTACAAGTATTA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ATGCTAGGTACAAATATATGCACACCAATGTATTTACAATTGCTGTGTTCAATTTGCAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4301_Genome_Tile_rc|1
CAAATTGACAAGTTAACATAATGCTAGGTACAAATATATGCACACCAATGTATTTACAAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt4421_Genome_Tile_rc|1
AATTTGTTTATTTGCTGGAGGGCAGCAGCTTAACGTTCCTATAATGAAACACTAATAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt4701_Genome_Tile_rc|1
CACTAACTTTAGGAACAGTACCTGTGCGACCTGTTGGAATAGGTACATAGCCTGTTCTTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TTGTGATTGGAGCCCCGACTCAATTATACTTGATTCTTCAATTAATGAAACAATGGAAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt4881_Genome_Tile_rc|1
AAATGGCTGGGACATCTGACCCAGATGATGTTACCTCAAAACCACCATGGGATGGTATAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt4901_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTTGGTGACACATCTAAAATGGCTGGGACATCTGACCCAGATGATGTTACCTCAAA

>HPV91_Alpha_22023568_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CAACAAATGTATCCATAGGAATGTCTTCTGCACTATGGGCTGTAATAGTAGATTGGGAAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TAACAGTAGAATGTCCTAGGGGCTGTAATTCAATAGATTCCTGTGTTGCAATTGGACTAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GTCAGTGGCATCAGGAACATTAACAGTAGAATGTCCTAGGGGCTGTAATTCAATAGATTC
>HPV91_Alpha_22023568_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TCTGCATAAAATATCATACAAGTCAGTGGCATCAGGAACATTAACAGTAGAATGTCCTAGG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5541_Genome_Tile_rc|1
GTACATCTAAAATGCTATCATCTGCATAAAATATCATACAAGTCAGTGGCATCAGGAACAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5561_Genome_Tile_rc|1
CACATTGGTGTGTTGGTATGAGGTACATCTAAAATGCTATCATCTGCATAAAATATCATACAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5601_Genome_Tile_rc|1
CTGTAGTGTAAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGACACATTGGTGTGTTGGTATGAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5621_Genome_Tile_rc|1
AGGTACTGTTGCAAGTGGGACTGTAGTGTAAACAATTTTTGTTGTGTTAGGCAGTGTAGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt5701_Genome_Tile_rc|1
GACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTGTAGGAAATGTAATATCAGGT
>HPV91_Alpha_22023568_nt5721_Genome_Tile_rc|1
ATACTGCAGAAGGTGTAACAGACGGTGACAATGGCACATAGGGGACACTAAGTGGCACTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt5761_Genome_Tile_rc|1
AACAAATGAAGGATGTAAATAAAAATCTGTGCCATATATTGATACTGCAGAAGGTGTAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6001_Genome_Tile_rc|1
AAACTTTTAGGAACAATTACTTTACCAGAATTATTTTTTATAGGAAAAAAGGGTGGCCCA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6561_Genome_Tile_rc|1
CCTACGTAAAAAGAAAAATAAACTATTTCCGTATGGCTCGGCTGCCATTCTTAAATAATC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6641_Genome_Tile_rc|1
CCTGCAATATACAAATCCTTAGGGACAGCATCGCCTGTAGTACCAGCCCTATTAAAGAAA
>HPV91_Alpha_22023568_nt6661_Genome_Tile_rc|1
TGTTTCGCCCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAATCCTTAGGGACAGCATCGCCTGTAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6681_Genome_Tile_rc|1
ATAATATATACTGCCTGCTATGTTTCGCCCTGTTGCCTGTTCCCTGCAATATACAAATCCTT
>HPV91_Alpha_22023568_nt6861_Genome_Tile_rc|1
TAGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTTAAGTTAGTGCTGCGAGTTGTATCCACAAC
>HPV91_Alpha_22023568_nt6881_Genome_Tile_rc|1
GTGTTGTCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATGCACACAAGGTTAAGTTAGTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt6901_Genome_Tile_rc|1
TTAAATATTCTTTGAACTTTGTGTTGTGCATATGTAGTAGGTAGCACAGACTCAGTGGATG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7001_Genome_Tile_rc|1
AATGATGCATCCATAGTGTGGATGTATGTCATTACCTCTGGATTAAAGTGTATAATGCAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7081_Genome_Tile_rc|1
CCTTATTAGCCAAAAAGCGATAAGTATCCTCTAGTGATGCCGTGGCTGGAGGGGATACCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TATAGTTTTTGTATGGGTCCTCTTTGGCTTTTGGTGGGACATTTTTTTGACAGGCAATTG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7341_Genome_Tile_rc|1
CAACATACAGTAATATAATAGTTATCGCTTAGTTTTCTTTTCGTTTGGAGGCAGGCGCTGA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7381_Genome_Tile_rc|1
CATGTATACAAACCACATACAATAACACAAATGCACATACACAACATACAGTAATATAATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7441_Genome_Tile_rc|1
TATTCCTCATTCATACAGCACACATAACACACATGTATAAATACATAAATACACACACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7581_Genome_Tile_rc|1
CTAAACCCCAACGCTGCCCAACGCTGGACATTCATAACACAAAACAGGAAAGAAACACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7601_Genome_Tile_rc|1
CGCCATGACTACCACCAGACCTAAACCCCAACGCTGCCCAACGCTGGACATTCATAACA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7621_Genome_Tile_rc|1

ACTTTTTGTAACCAAACAGACGCCATGACTACCACCAGACCTAAACCCCAACGCTGCCCC
>HPV91_Alpha_22023568_nt7741_Genome_Tile_rc|1
CCAAAGGGAAATTATACTGTGCCAACATATTTTGGCAGGTCAATGTAACCTTGCAATTAT
>HPV91_Alpha_22023568_nt7841_Genome_Tile_rc|1
GTATGTGGTTAAAAGTAATAAAACCTTAGACAACACAAAGGTAAAAAGGTAAAATTTATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7861_Genome_Tile_rc|1
TAAGCAAAGCCATAAAACATGTATGTGGTTAAAAGTAATAAAACCTTAGACAACACAAAG
>HPV91_Alpha_22023568_nt7881_Genome_Tile_rc|1
ATGTGAGCCAAAAAAGCTTTTAAGCAAAGCCATAAAACATGTATGTGGTTAAAAGTAATA
>HPV91_Alpha_22023568_nt7901_Genome_Tile_rc|1
TTTATGGGTGCTTTATTGTTATGTGAGCCAAAAAAGCTTTTAAGCAAAGCCATAAAACAT
>HPV35_Alpha_333050_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TCCTGAAACATACCGCACCTTACAATGTCTGTCCACTTCTGCTTTTTTGTGCACTTCTGC
>HPV35_Alpha_333050_nt0081_Genome_Tile_rc|1
TGTAAGGTCGTTTCAGCTGGGTCCTGAAACATACCGCACCTTACAATGTCTGTCCACTTCT
>HPV35_Alpha_333050_nt0141_Genome_Tile_rc|1
CACAATTCAAACAAATTTTCATGGATGCTTCTTCTACCTCGTTGCACAAATCATGCAGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TAATTCTTGTTCGAGTATACACAATTCAAACAAATTTTCATGGATGCTTCTTCTACCTC
>HPV35_Alpha_333050_nt0361_Genome_Tile_rc|1
ATACACCTAATTAATAAATGACATAACTGTTTGTTCATTGTTTTTCTAACGTTTCTCCA
>HPV35_Alpha_333050_nt0461_Genome_Tile_rc|1
CATACACCGACCTGTCCACCGTCCACCGATGTTATGGAATCGTTTTTTTTCTTCTAAATG
>HPV35_Alpha_333050_nt0481_Genome_Tile_rc|1
CGTGTGTTGGTTTCCAACAGGACATACACCGACCTGTCCACCGTCCACCGATGTTATGGAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt0501_Genome_Tile_rc|1
ATTACACCTCGGTTTCTCTACGTGTTGGTTTCCAACAGGACATACACCGACCTGTCCACC
>HPV35_Alpha_333050_nt0701_Genome_Tile_rc|1
GTAGTGTGCGCTCACATTTACAACAGGACGTTACAATATTATAATTGGAGGTGTCTGGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt0721_Genome_Tile_rc|1
TGTGCTCTGTACACACAGACGTAGTGTGCGCTCACATTTACAACAGGACGTTACAATATT
>HPV35_Alpha_333050_nt0921_Genome_Tile_rc|1
TCATTTTCGTCCTCTACACTGGATCCCGTACGTCTACTAACTACTGCTTCTACAAAAAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt0981_Genome_Tile_rc|1
TTTAATATATCTGTATCATTTTATAAAGTCCACCATATCCTCCCCCTGTCACAGTCATCT
>HPV35_Alpha_333050_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TCTCTGTTTCTGCCTGTATGTTTAAATATATCTGTATCATTTTATAAAGTCCACCATATCCT
>HPV35_Alpha_333050_nt1121_Genome_Tile_rc|1
TGTTATTATTAAACACATAAGCTCACGCTGCTAAGTGGACTACTAGCATACTTTCGTTTTA
>HPV35_Alpha_333050_nt1141_Genome_Tile_rc|1
AGCTTTTAAACGTGGACTTATGTTATTATTAAACACATAAGCTCACGCTGCTAAGTGGACT
>HPV35_Alpha_333050_nt1161_Genome_Tile_rc|1
TTTTTATTTTCAATGCAAATAGCTTTTAAACGTGGACTTATGTTATTATTAAACACATAAG
>HPV35_Alpha_333050_nt1281_Genome_Tile_rc|1
CCCATACTACATTGTTCAACTGTATCATGCCCCCTCTACCTGTTGTATCTCGTGTATTTCC
>HPV35_Alpha_333050_nt1301_Genome_Tile_rc|1
AGGTTATACTATCCCCACTGCCCATACTACATTGTTCAACTGTATCATGCCCCCTCTACCT
>HPV35_Alpha_333050_nt1321_Genome_Tile_rc|1
ATGTCTTTCATCGCTACTAGAGGTTATACTATCCCCACTGCCCATACTACATTGTTCAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt1361_Genome_Tile_rc|1
ATTTTAGTATTTGTATTATGTCTCGCGTTGGAGTCTCATCATGTCTTTCATCGCTACTAG
>HPV35_Alpha_333050_nt1381_Genome_Tile_rc|1
AGCTGCGTTTGCATTACTACATTTTAGTATTTGTATTATGTCTCGCGTTGGAGTCTCATC
>HPV35_Alpha_333050_nt1441_Genome_Tile_rc|1
AAATGGTCTAATAAGTTCTGTAAAACTAATACCAAATAGTTCTTTAAATTTAGCCAACAT

>HPV35_Alpha_333050_nt1461_Genome_Tile_rc|1
CATGTGGATTTATCACTCTTAAATGGTCTAATAAGTTCTGTAAACTAATACCAAATAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt1521_Genome_Tile_rc|1
ATATGTTTAAAGTTCGCCACACTTGGGGCTATTCCAAATGCGGCCACACCAATCTGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt1581_Genome_Tile_rc|1
AATGCTAGAATTACCATAGCCCCATGAACACGATAAACATTGTATATGTATACATATGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt1601_Genome_Tile_rc|1
TTTCGACTTTAAATCGTAATAATGCTAGAATTACCATAGCCCCATGAACACGATAAACAT
>HPV35_Alpha_333050_nt1621_Genome_Tile_rc|1
TTTCAATTGTTGTTCTCGTTTTTCGACTTTAAATCGTAATAATGCTAGAATTACCATAGC
>HPV35_Alpha_333050_nt1641_Genome_Tile_rc|1
AGCAATTTAGCATCAATAGTTTTCAATTGTTGTTCTCGTTTTTCGACTTTAAATCGTAAT
>HPV35_Alpha_333050_nt1661_Genome_Tile_rc|1
TACTTGCAGCTGAAATACATAGCAATTTAGCATCAATAGTTTTCAATTGTTGTTCTCGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt1681_Genome_Tile_rc|1
TTTTGGTGGTGTATTAGCATACTTGCAGCTGAAATACATAGCAATTTAGCATCAATAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt2161_Genome_Tile_rc|1
ATTTTTTTTAGGCACACCATGTAAAAAATTTTTTAGTGCAGATAAAAAATGCCACAAAATC
>HPV35_Alpha_333050_nt2181_Genome_Tile_rc|1
GCTCCATATATTAGTATGCAATTTTTTTTAGGCACACCATGTAAAAAATTTTTTAGTGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt2241_Genome_Tile_rc|1
ATAGCTCCTTGTAAGAAATGCATTAGACTCATTCCAAATAATGATTTACCTGTGTTTGGT
>HPV35_Alpha_333050_nt2421_Genome_Tile_rc|1
ATTATATGCACTATGCTTAATGCTTTACATCTAAATGAAATATAGGATTTCCATCTAGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt2481_Genome_Tile_rc|1
AAGTATGGCCACCTGTCTATCTTTGCCTGCATTTATATTGATGTAATAAGTAAAGGTGGGC
>HPV35_Alpha_333050_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ACTGCACATTCAAGACGAATCAGTTTCCAATACTGTATGTGATCAGACAAACATGTGCTA
>HPV35_Alpha_333050_nt2921_Genome_Tile_rc|1
TTGCAGTGTCCAGTCCTCTGTGCTATACTCAGTTGTATTTAATGTCTCTAACATTAATTG
>HPV35_Alpha_333050_nt2961_Genome_Tile_rc|1
ATCTTGTAGGAAGTGTGTATATAGTTCAATACTTGTTTCTTGCAGTGTCCAGTCCTCTG
>HPV35_Alpha_333050_nt2981_Genome_Tile_rc|1
ATAAACATCTTTTTTTTAAACATCTTGTAAGAACTGTTGTATATAGTTCAATACTTGTTTC
>HPV35_Alpha_333050_nt3001_Genome_Tile_rc|1
TCAAATTGTGCTTCCACAGTATAAACATCTTTTTTTTAAACATCTTGTAAGAACTGTTGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt3021_Genome_Tile_rc|1
TAGTATTTTTGTTTATCACCATCAAATTGTGCTTCCACAGTATAAACATCTTTTTTTTAAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TGTCCAATTAGTATAATGCATAGTATTTTGTTTATCACCATCAAATTGTGCTTCCACAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt3061_Genome_Tile_rc|1
TCCTCTAATATATATATATGTGTCCAATTAGTATAATGCATAGTATTTTGTTTATCACCA
>HPV35_Alpha_333050_nt3081_Genome_Tile_rc|1
TTACAACAGTACATATACTGTCCTCTAATATATATATATGTGTCCAATTAGTATAATGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TTTATAATTTACCAGTCCCTTTACAACAGTACATATACTGTCCTCTAATATATATATATG
>HPV35_Alpha_333050_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TGATGCACATAATAAATACCTTTATAATTTACCAGTCCCTTTACAACAGTACATATACTG
>HPV35_Alpha_333050_nt3141_Genome_Tile_rc|1
CATAATATGTTTCTACACCTGATGCACATAATAAATACCTTTATAATTTACCAGTCCCT
>HPV35_Alpha_333050_nt3161_Genome_Tile_rc|1
AGCCTCTTCCCTAAAAGTAACATAATATGTTTCTACACCTGATGCACATAATAAATACC
>HPV35_Alpha_333050_nt3301_Genome_Tile_rc|1
GTCTCGGTGGTGTGTAGGCGTGTAGCTGTGTAGCAATTTACAGCAGTGGATAGTTCTGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt3321_Genome_Tile_rc|1

CGGAGCAGGCTTTGGTATGGGTCTCGGTGGTGTGTAGGCGTGTAGCTGTGTAGCAATTT
>HPV35_Alpha_333050_nt3401_Genome_Tile_rc|1
TCGCTTGGTGGGGTTGTAGGGGAGCTCGGTACCCCTCGAAGTCGTTTGTGATTTGTCTT
>HPV35_Alpha_333050_nt3421_Genome_Tile_rc|1
TCCACGGCACTGAGTCGCACTCGCTTGGTGGGGTTGTAGGGGAGCTCGGTACCCCTCGA
>HPV35_Alpha_333050_nt3441_Genome_Tile_rc|1
AGACCCCTCTGTCAACACTGTCCACGGCACTGAGTCGCACTCGCTTGGTGGGGTTGTAGG
>HPV35_Alpha_333050_nt3481_Genome_Tile_rc|1
CTACCACACCGGTCTTTGTTTGTGCAGTCAGATGTAGAGTAGACCCCTCTGTCAACACTG
>HPV35_Alpha_333050_nt3501_Genome_Tile_rc|1
TAGGTGTAGTTGTACTACAACACTACCACACCGGTCTTTGTTTGTGCAGTCAGATGTAGAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt3581_Genome_Tile_rc|1
ATCTTGATACAATGCTTTATATTTACCCAATCTATATCTTGAACACTTTAATGTATTTGC
>HPV35_Alpha_333050_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TTTTATCGTTTGTACATGTCCATCTCCATGTAGATGAAGCATCTTGATACAATGCTTTAT
>HPV35_Alpha_333050_nt3661_Genome_Tile_rc|1
TATTCTGTTGTGTAAGTTAATGTTACAATTGCTATTTGTTTTTATCGTTTGTACATGTC
>HPV35_Alpha_333050_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TTAAAAATTTATCCCTTTGATATTCTGTTGTGTAAGTTAATGTTACAATTGCTATTTGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt3701_Genome_Tile_rc|1
GTTAGGTATTTTACTGTAGTTAAAAATTTATCCCTTTGATATTCTGTTGTGTAAGTTAA
>HPV35_Alpha_333050_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CAGTACTGGAAGCTGTAAGGTCTATCATATAGACATATATCCTTTAGACACTGTAAGTGT
>HPV35_Alpha_333050_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CAACAAAAAGCACAGCAACACAGTACTGGAAGCTGTAAGGTCTATCATATAGACATATAT
>HPV35_Alpha_333050_nt3861_Genome_Tile_rc|1
AATATTAATGCTGAGTATAATGACACAGATAGCAATAGCGAACGTACAAGCAGACACAAG
>HPV35_Alpha_333050_nt3921_Genome_Tile_rc|1
CAAGAAACAACAAAAGCAAGTAGTGGTGTGCTACAGTAACCCACAGTATTAAAACAGT
>HPV35_Alpha_333050_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TCCATAGGTATATACAAAAGCAAGAAACAACAAAAGCAAGTAGTGGTGTGCTACAGTAA
>HPV35_Alpha_333050_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TTGTGCATGAGCGTTAATCATCCATAGGTATATACAAAAGCAAGAAACAACAAAAGCAAG
>HPV35_Alpha_333050_nt3981_Genome_Tile_rc|1
AATTACTGTACTGCCAAATATTGTGCATGAGCGTTAATCATCCATAGGTATATACAAAAG
>HPV35_Alpha_333050_nt4021_Genome_Tile_rc|1
ACACACATGTTACACAGTACCAAACACAATGTTTGTATACAATTACTGTACTGCCAAATA
>HPV35_Alpha_333050_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ACAAAAAATAAAACCACCATACACACATGTTACACAGTACCAAACACAATGTTTGTATAC
>HPV35_Alpha_333050_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TTAAAAACACAGAAATAAAATGTTTAAAAACAGTAAAAAACAAAATATACAATGAACA
>HPV35_Alpha_333050_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TATACCATGTGATCAATTTATTA AAAACACAGAAATAAAATGTTTAAAAACAGTAAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GACCTTTTGTGTCGCATGGTTATACCATGTGATCAATTTATTA AAAACACAGAAATAAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt4541_Genome_Tile_rc|1
GGTTATTGTAAACCTGTTGTAGGTGGGACCCCTGGTGTAAACAAGGGGCACCAGACTC
>HPV35_Alpha_333050_nt4561_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGGTATCTGTAGATGTGGTTATTGTAAAACCTGTTGTAGGTGGGACCCCTGGTGTGA
>HPV35_Alpha_333050_nt4601_Genome_Tile_rc|1
ATTATCATGTGTACTTATGGATGTCACATCTAAAATAGCAGGTGTGGTATCTGTAGATGT
>HPV35_Alpha_333050_nt4761_Genome_Tile_rc|1
TGCTATTAGTTATATTATTGCTGTCTGTGGAAACAATAAAAGTATCCATAGGGATTTCTT
>HPV35_Alpha_333050_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TAATATCCTCATGCTCAAATTGTAAGGTTGTATCAGGGTTAAGGCCTTCATATGCAGGAT

>HPV35_Alpha_333050_nt4961_Genome_Tile_rc|1
GTCAGGATCCGGAGCTAAGCTAATATCCTCATGCTCAAATTGTAAGGTTGTATCAGGGTT
>HPV35_Alpha_333050_nt5061_Genome_Tile_rc|1
TTCGTGTATGCATAGTACGTTTATTACCTACTCTACTATATCTAATAGTGCCTTTCCTAG
>HPV35_Alpha_333050_nt5081_Genome_Tile_rc|1
TGCCCCATATAGCTTTTCCACTTCGTGTATGCATAGTACGTTTATTACCTACTCTACTATA
>HPV35_Alpha_333050_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TAAGGGTTGTAATTCTATATCTTCAGTAATACTACTTAAATCCTGATAATAATGTACCCG
>HPV35_Alpha_333050_nt5161_Genome_Tile_rc|1
AAAGAGGATGGTACATGTTGTAAGGGTTGTAATTCTATATCTTCAGTAATACTACTTAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TTGAAACAGTGGTATGTGGTAAAGAGGATGGTACATGTTGTAAGGGTTGTAATTCTATAT
>HPV35_Alpha_333050_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CATACCATCATTTAATGATGTTGAAACAGTGGTATGTGGTAAAGAGGATGGTACATGTTG
>HPV35_Alpha_333050_nt5221_Genome_Tile_rc|1
ATAGGAGCATAAATATCAAACATACCATCATTTAATGATGTTGAAACAGTGGTATGTGGT
>HPV35_Alpha_333050_nt5241_Genome_Tile_rc|1
TAATATCTTCCTCAGTATCTATAGGAGCATAAATATCAAACATACCATCATTTAATGATG
>HPV35_Alpha_333050_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GTTAGAAGATGCTGAAAATATAATATCTTCCTCAGTATCTATAGGAGCATAAATATCAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GATGTAGTATATAAAGTATTGTTAGAAGATGCTGAAAATATAATATCTTCCTCAGTATCT
>HPV35_Alpha_333050_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TAGGAACATATGCAGTGTTAGATGTAGTATATAAAGTATTGTTAGAAGATGCTGAAAATA
>HPV35_Alpha_333050_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TAATGGTATAGTAGTATTGCTAGGAACATATGCAGTGTTAGATGTAGTATATAAAGTATT
>HPV35_Alpha_333050_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AGTATTAGAGTTAAATACAATGTCTGGCCCTGCTGTTATAGGAATATCATAGCCACTACT
>HPV35_Alpha_333050_nt5421_Genome_Tile_rc|1
ATATAGGACCTGTGGGTACCGGTAGTACAGAGTTAGTAATAGTATTAGAGTTAAATACAA
>HPV35_Alpha_333050_nt5461_Genome_Tile_rc|1
GGGTGTAAATAAAAGTCACCCCATCTGCAATAATAGAATATATAGGACCTGTGGGTACC
>HPV35_Alpha_333050_nt5701_Genome_Tile_rc|1
GTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTTTTTTAATAGCATAGTATGGGTGACCCACAGCTA
>HPV35_Alpha_333050_nt5721_Genome_Tile_rc|1
TTGCAACCAGATACCTTGGGTACTGCTATTTTATTAGAATCTTGTTTTTTAATAGCATA
>HPV35_Alpha_333050_nt5961_Genome_Tile_rc|1
GCATTCCTGTTATCTGTACCAGAGTTACCAGAGTTACCAACATATTTATTAAGATTTTC
>HPV35_Alpha_333050_nt6101_Genome_Tile_rc|1
GTGTTTAGTAACCTCAAAGGAGGACATTCTCCTGCTTTTACCTGGTTAGCATTACAAGGT
>HPV35_Alpha_333050_nt6201_Genome_Tile_rc|1
ACTGCATATATCTAGGGGAACATCACTTTTATTAGCTTGTAAATGTAGTAAAATCCATTGC
>HPV35_Alpha_333050_nt6381_Genome_Tile_rc|1
ACTAGGCAATGTGCCAGTGGTACCCTTAATATATAGGTCTGCAGGTACTGTTTCACCTAC
>HPV35_Alpha_333050_nt6401_Genome_Tile_rc|1
GGAGTAGGAAAATAACTAGTACTAGGCAATGTGCCAGTGGTACCCTTAATATATAGGTCT
>HPV35_Alpha_333050_nt6581_Genome_Tile_rc|1
TATGTACTGTCACTAGAAGACACAGCAGAACACACAGACATATTTGTACTACGGGTTGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt6821_Genome_Tile_rc|1
TTTGGTGCACCTGGGTTTTTGGACAAGTTACAGCCTGTGATGTTACATAGCGATATGTGTCC
>HPV35_Alpha_333050_nt6841_Genome_Tile_rc|1
TTAATGGATCATCTTTAGGTTTTTGGTGCACCTGGGTTTTTGGACAAGTTACAGCCTGTGATG
>HPV35_Alpha_333050_nt6961_Genome_Tile_rc|1
ATCTAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTAACAAAAATTTACGGCCCCAACGGAA
>HPV35_Alpha_333050_nt6981_Genome_Tile_rc|1

TGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAAATTAGGCCTGGCCTTTAGTCCTGCTTGTAACAA
>HPV35_Alpha_333050_nt7001_Genome_Tile_rc|1
GATTTTTTTAGATGTAGATGCTGGAGCTGCACGCCTGCCTAATCTAAAAATTAGGCCTGGCC
>HPV35_Alpha_333050_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TACACACATTTACACGCCATGTACAACACAAACAGGCACCACAACACATAATATATATAC
>HPV35_Alpha_333050_nt7201_Genome_Tile_rc|1
TACTGAACTACTACACACTAAGTACAAAAACACCCACGTACAACACATTGCACAATATTA
>HPV35_Alpha_333050_nt7221_Genome_Tile_rc|1
CACACACATCACTTTATGGCTACTGAACTACTACACACTAAGTACAAAAACACCCACGTA
>HPV35_Alpha_333050_nt7241_Genome_Tile_rc|1
AATACAGTGTTAATTATAAACACACACATCACTTTATGGCTACTGAACTACTACACACTA
>HPV35_Alpha_333050_nt7281_Genome_Tile_rc|1
AATTATGTAAGCTCATATCGGTGCACCATAGTCATACAACAATACAGTGTTAATTATAAA
>HPV35_Alpha_333050_nt7301_Genome_Tile_rc|1
ACACAATATAGCTGTCATGTAATTATGTAAGCTCATATCGGTGCACCATAGTCATACAAC
>HPV35_Alpha_333050_nt7481_Genome_Tile_rc|1
TTGGCAAAAGCCAATATAAAGTTGGCAAAACAATATATATCAGGAACACAAGGATTAAGTG
>HPV35_Alpha_333050_nt7501_Genome_Tile_rc|1
AGATGAATCAAGTTTAAAGATTGGCAAAAGCCAATATAAAGTTGGCAAAACAATATATATC
>HPV35_Alpha_333050_nt7561_Genome_Tile_rc|1
ACTGTTACAAGTGTTACAAGTGTGGGTGGACCACAAGTATGAAAAATGACTAATACTGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt7641_Genome_Tile_rc|1
TTGGCAAAACACACATAATATGTAAAGCCAAGGTGTGCAATTAAAGCCCTTTAGAAATGCA
>HPV35_Alpha_333050_nt7681_Genome_Tile_rc|1
CATGTTTTAACTTAAAGTTGGCAGGATGTGTAGGGTGGTGTGGCAAAACACACATAATAT
>HPV35_Alpha_333050_nt7721_Genome_Tile_rc|1
CATATAACAATGTGTAATACAGTGAGTAATGTTTTACATGCATGTTTTAACTTAAAGTTG
>HPV35_Alpha_333050_nt7741_Genome_Tile_rc|1
CGGTTGGACACACCTGTGTGCATATAACAATGTGTAATACAGTGAGTAATGTTTTACATG
>HPV35_Alpha_333050_nt7761_Genome_Tile_rc|1
TATAAAACTGTAATCCAAATCGGTTGGACACACCTGTGTGCATATAACAATGTGTAATAC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt1361_Genome_Tile_rc|1
CTACTACCCACTCTGCACATGTGGACCTATCACTTTTGAAGTGTCTTACTAGGTCCTTAA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt1541_Genome_Tile_rc|1
TTAGTATGGTTCCTAGGCACTTTGCTACGGTTTCTCTGCTTTTGTACACTTAAACCGTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt2401_Genome_Tile_rc|1
GACGACCATTTCGACTTCTAAGATATTTAAAGGTGTCATCTGCTGCAATATTTACATTTGT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt2421_Genome_Tile_rc|1
CACTTTTGTAGAAACGGAAAGACGACCATTCGACTTCTAAGATATTTAAAGGTGTCATCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3681_Genome_Tile_rc|1
ACTACTATTATATGCACATTGACATAATGCCTTGTGTTACCACAATTCCTTTAGGTATAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3701_Genome_Tile_rc|1
GGATATAATGTTTACAAACAACACTACTATTATATGCACATTGACATAATGCCTTGTGTTAC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3721_Genome_Tile_rc|1
CTACAATTGGCTCACATACAGGATATAATGTTTACAAACAACACTACTATTATATGCACATT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CAGGATGCAGTATATACCAGGTATGTAATACACACAATTGCTACAATTGGCTCACATACA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AATAACAAAACCAATATGCTCATATCCCCACGGTCAAACAACACAATATCATATCCACCC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AAATAATAGCAATCAATAGTAATAACAAAACCAATATGCTCATATCCCCACGGTCAAACA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4121_Genome_Tile_rc|1
GCGTATGAATAACAACAGCAAAATAATAGCAATCAATAGTAATAACAAAACCAATATGCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4141_Genome_Tile_rc|1
CACACCTACACATGTAACATGCGTATGAATAACAACAGCAAAATAATAGCAATCAATAGT

>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4161_Genome_Tile_rc|1
AACCAAAATACAAAACCTATACACACCTACACATGTAACATGCGTATGAATAACAACAGCA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt4761_Genome_Tile_rc|1
CTTCATATGTGTGGGTCCCTGAGGTGGCAGTACTAGACAATACATGTCCAGTAATGTCAC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5241_Genome_Tile_rc|1
CCTGGCCAGAGGCCTGGCCAGAGGATGTGGTAGCACCCAACGGCTGCAGTTCAATATCCT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GATAGGTGTGTATCATCTGCATAAATGTCATATAAGGTATCCTGGCCAGAGGCCTGGCCA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AAGGCTCCTGTAATATAGAGGATAGGTGTGTATCATCTGCATAAATGTCATATAAGGTAT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GGAATGCAATGAGGGAACGGAAGGCTCCTGTAATATAGAGGATAGGTGTGTATCATCTGC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GCAGAGGATACAGGCGTGGTGGAAATGCAATGAGGGAACGGAAGGCTCCTGTAATATAGAG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TAGATGTGGCGGACACTGTAGCAGAGGATACAGGCGTGGTGGAAATGCAATGAGGGAACGG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GATAAGGGAACAGTAACATTATCATATGTGGAAGATACCATAGATGTGGCGGACACTGTA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5421_Genome_Tile_rc|1
AGGGAACCTCGGTTGCAGATGATAAGGGAACAGTAACATTATCATATGTGGAAGATACCA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt5441_Genome_Tile_rc|1
AATATCAGGACCAGTATATAAGGGAACCTCGGTTGCAGATGATAAGGGAACAGTAACATT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7161_Genome_Tile_rc|1
TACACAATACAGACACACATACAAAACAAGACAGTACAGCACACACACTATTTTTTAGT
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7181_Genome_Tile_rc|1
CACAGTGCAACCAACAACAGTACACAATACAGACACACATACAAAACAAGACAGTACAGCA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7241_Genome_Tile_rc|1
ATAAAGGACATTACACAACACATACAAAAAACACATACATATACACATACATATACACAA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7281_Genome_Tile_rc|1
AAATACACAACAAGACAAAAGCACACAATACAGGGGCACATAAAGGACATTACACAACA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7301_Genome_Tile_rc|1
CCATAAATACATACACACCAAAATACACAACAAGACAAAAGCACACAATACAGGGGCAC
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7461_Genome_Tile_rc|1
GCATACAAAATGGAGTACGGGTACAAAATAACTGCAGGAAATGGTGGATATGTAGCCGAG
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7781_Genome_Tile_rc|1
GAGTTGTGTTGGTTACATAAGTTGTTTAAAGTTTATAGGACAGAAACTTGGCAGTACAA
>HPVcand86_Alpha_15741127_nt7821_Genome_Tile_rc|1
TGTTAAGTATAAAGAAGGAACCTATGAATAATACAGCGACCGAGTTGTGTTGGTTACATAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt0261_Genome_Tile_rc|1
TTTCCATGAAATTCCTAGGCAGCACGCGCAGGCTGCATATGGATAGCCGCCTCGAAACAGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AGTGTCTATATTGGTTAATTTTTCCATGAAATTCCTAGGCAGCACGCGCAGGCTGCATATG
>HPV6_Alpha_6002612_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CGTCTAAAATGTCTTGTTTAGTTTCTTCTTCAACAGTTGTTGCATATCCAGCATAATCAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt0361_Genome_Tile_rc|1
CAGGTAGCACCGAATTAGCACGTCTAAAATGTCTTGTTTAGTTTCTTCTTCAACAGTTGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt0441_Genome_Tile_rc|1
CACGTACAATTTAGCTTTTATGAACCGTGCCTTGGTTAGTATATGTTTTACCTTTTCTACT
>HPV6_Alpha_6002612_nt0741_Genome_Tile_rc|1
CACTATGTTAGTTGTTCCCAACAGAAGCTGTTGCACTTCTCTGATGTCTGTTTCTGTACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt2081_Genome_Tile_rc|1
GCCTTCTATTTTAGAACCCCTATGTTTTATCCATTGTTTTATAGACATCTTCCTCATTTTC
>HPV6_Alpha_6002612_nt2521_Genome_Tile_rc|1
CTAGTATGTAAATACTTATATTTCTTCTTTGGTAATATCTATGTTGGATGTTACTAGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt2961_Genome_Tile_rc|1

ATAACTTGTCTTCTTGTAAATGTCCACGGTTCCTACTATACTCAGTCTTTAATAATGATTC
>HPV6_Alpha_6002612_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TTTGCACAGCCATCAAATTTAACTTCTACAGTTTTGCCCCGTTTTTTAAACAGCGTTTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3061_Genome_Tile_rc|1
CCACATAATCCATTGTATTGTTTGCACAGCCATCAAATTTAACTTCTACAGTTTTGCCCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt3121_Genome_Tile_rc|1
CTACCATACTATGCACCTTTACCCAGGAGTCAGTGTCTGCACATACACATCTGTCCATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3481_Genome_Tile_rc|1
GGTCGTGATTGTTAGTGATGACGTTGTGGTTTCCACTGTCCACGGGTCCAATGTGGGCCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3741_Genome_Tile_rc|1
TTTGTGTCTAATAGTAGGGGGTATTTTACAACATTTAAAACTGTTGCCTTTGTTCCCTC
>HPV6_Alpha_6002612_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TGCATTGACATAAACCCCAAGTTTGTGTCTAATAGTAGGGGGTATTTTACAACATTTAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3781_Genome_Tile_rc|1
TATATACAAATTACAATAGGTGCATTGACATAAACCCCAAGTTTGTGTCTAATAGTAGGGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt3841_Genome_Tile_rc|1
GTACCACTTCCATACATGTACAGTTGTATTACACCAATACCATATATTTACACATTTACA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TCCTGCAGCTATTTGTACAGGTACCACTTCCATACATGTACAGTTGTATTACACCAATAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AGTATTAATGTGCTGGTTGTTTCTGCAGCTATTTGTACAGGTACCACTTCCATACATGTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3961_Genome_Tile_rc|1
ATGTGTACACAATAAAGTCAGATATCCATACAATAAGTATGATGCTAACAAAACATACAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt3981_Genome_Tile_rc|1
CAGTGTAGTACTAGCACAGATGTGTACACAATAAAGTCAGATATCCATACAATAAGTAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CACAAATAGTAAGTATAAAAAGCAGTGTTAGTACTAGCACAGATGTGTACACAATAAAGTCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4061_Genome_Tile_rc|1
GGACAGTAACACACAAGTAAAGTTAGTAGGAAAAATTGCAAGGGGGTGTGTTAATAGCAGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt4081_Genome_Tile_rc|1
AGTGGTGTATATAACAAGCGGGACAGTAACACACAAGTAAAGTTAGTAGGAAAAATTGCA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4101_Genome_Tile_rc|1
TTGCTGTGTGTTTACAATGTAGTGGTGTATATAACAAGCGGGACAGTAACACACAAGTAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4121_Genome_Tile_rc|1
AAATTGACATGTTAGCATCATTGCTGTGTGTTTACAATGTAGTGGTGTATATAACAAGCG
>HPV6_Alpha_6002612_nt4141_Genome_Tile_rc|1
AGCCAGGTATCTCCATCATTAATGACATGTTAGCATCATTGCTGTGTGTTTACAATGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TAGTGCAATTAATAAACCCTACACCCCTACAATAAAGGCACATAACAACCACAAACCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TATCGCCTTGTACAGCTCTATAGTGCATTAATAAACCCTACACCCCTACAATAAAGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TTACAGTTGTGTTTGTACACTTGTACATTTGGTGTGTTTATCGCCTTGTACAGCTCTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4301_Genome_Tile_rc|1
ATCACCAGCAGTATCATAATGCATAGTTACATAATCATCATTACAGTTGTGTTTGTACAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4361_Genome_Tile_rc|1
ATACAAAGCATACACTGTTACAAATATAAAAAAGTTTTACTCTAATTCATATATATATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4621_Genome_Tile_rc|1
GGCCCACTAGTAATAAGGTTTTGTCAGAAGTTCCTAAGGGAACATAGCCAGTACGACCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt4741_Genome_Tile_rc|1
TGTGCAGGGGCACAATTTTCAGGCGCCCTGCGTTAATGATTGCCGATTCTTCAATTAAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4761_Genome_Tile_rc|1
ATGTAATTGTAAACCCACCGTGTGCAGGGGGCACAATTTTCAGGCGCCCTGCGTTAATGA
>HPV6_Alpha_6002612_nt4801_Genome_Tile_rc|1
ACTGATACATCCAATATTGCAGGGGTAGTTGTTTCAGAGGATGTAATTGTAAACCCACCG

>HPV6_Alpha_6002612_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TAGTAGTAGTATGACTAGTAAGTACATCCAATATTGCAGGGGTAGTTGTTTCAGAGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GACAGGATTTCTAAATATACTAGTAGTAGTACTAGTAAGTACATCCAATATTGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TTTCCTCTATAGGGTGTGACGTTATAGTGGGTGCAGAAATTAATATATGTCCATTAGCCT
>HPV6_Alpha_6002612_nt4981_Genome_Tile_rc|1
CCGCTATCACTAGAGGATATCACAAAAGTATCTAAAGGAATTTCTCTATAGGGTGTGAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt5341_Genome_Tile_rc|1
ATAGGTGAAATATCATAAAAATAATGAATGCGGGCCCCTATGTGCTTTCCGCTGCGAGTG
>HPV6_Alpha_6002612_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TTAAATATGTATCTGATATATTTGTAACAGGGTGTGGGTAGGGTTAATGTCAGGTTCAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt5521_Genome_Tile_rc|1
GTGTTACCCACGGTGTGTAACTGTATTAGGTGTGGAAGTTAAATATGTATCTGATATA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6121_Genome_Tile_rc|1
TCCCTGAATTTCAACATCATCATATTTATTTAGGAAAGGATGTCCACTTACACCCACAC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6141_Genome_Tile_rc|1
CTGTCCAGGGTTACCACCACTCCCTGAATTTTCAACATCATCATATTTATTTAGGAAAGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt6581_Genome_Tile_rc|1
CTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACTACCCCTTAATTATAAGAGTATCAGGCACAGGTTCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt6601_Genome_Tile_rc|1
GGGTGTTAACATATATACTACTCCCTACAGACGTTTCGATTTCCACTACCCCTTAATTATAA
>HPV6_Alpha_6002612_nt6801_Genome_Tile_rc|1
CTCTTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTTACGGATGCACATAATGTCAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt6821_Genome_Tile_rc|1
TCTTCCACATGACGCATGTACTCTTTATAATCAGAATTGGTGTATGTGGAAGATGTAGTT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7281_Genome_Tile_rc|1
CATAACAGTACATACACACATATATATAACAGTACATATACACATATATTACCTTTTGGT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7481_Genome_Tile_rc|1
ACAGCCACTGAGTCACAGGGTGTAAACAAGATATAACAATAATGTAGTTAATTGTTTATTGC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7521_Genome_Tile_rc|1
ACTTATGTGTGTAAGGCGGTGCAAACCAAACGCGTGCAACAGCCACTGAGTCACAGGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7581_Genome_Tile_rc|1
GGTTGCAAATATAAAAATATATTATTGGAAACAAAATATATATATTGTGCATGTATATT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7661_Genome_Tile_rc|1
CTGGCACAAAATATATAGGATTAACAGGCAACACGTTGTAACAAATTGGTGGAAGTGTA
>HPV6_Alpha_6002612_nt7761_Genome_Tile_rc|1
CAATAAACATATGAGTAAGGCAATACCGCACCCCTGGCGCCAGGTGTGTGGTTGGCAGGAT
>HPV6_Alpha_6002612_nt7781_Genome_Tile_rc|1
AGACAGGTTTATTGCAGTGGCAATAAACATATGAGTAAGGCAATACCGCACCCCTGGCGCC
>HPV6_Alpha_6002612_nt7801_Genome_Tile_rc|1
TGCATAAAAGTATAACACAAAGACAGGTTTATTGCAGTGGCAATAAACATATGAGTAAGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7821_Genome_Tile_rc|1
CTTTTAAGAGTTGGCTACAGTGCATAAAAGTATAACACAAAGACAGGTTTATTGCAGTGG
>HPV6_Alpha_6002612_nt7881_Genome_Tile_rc|1
TTATGTTATTGTATACCAAACAGTAAGAGCAAAAAAATGTGCTGCTACAAGCCAAAAATG
>HPV83_Alpha_5059324_nt1681_Genome_Tile_rc|1
TCGCACAATCCACTCTGGGGTCTCCCCAAGTACTTCTGAGGCATTCCCCATAGCTGTTCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt1701_Genome_Tile_rc|1
GCATGTCCTACTACTGTTTGTGCGACAATCCACTCTGGGGTCTCCCCAAGTACTTCTGAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3021_Genome_Tile_rc|1
AATCCACACCCCCGACACTTTGTGCCATGTCCTTGTTTCTCCGTATATACATATATGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt3041_Genome_Tile_rc|1
CTCATAATACAGTCCCGCGTAATCCACACCCCCGACACTTTGTGCCATGTCCTTGTTTCT
>HPV83_Alpha_5059324_nt3401_Genome_Tile_rc|1

GTCAC TGCTGTGTCCGTAGGCACCACTGTCCACGTGCTTTTGGTGCTCTGTCTGGGTGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3441_Genome_Tile_rc|1
AACGGTTCAC TGCTGTCCCTTGTGGCGTTTGTGCAGACACTGTCACTGCTGTGTCCGTAGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CCTGGTTAGAAATAGCTCCCGTTGCTCTATACTTGCATAGCATAAGGTTACAAATGCTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3661_Genome_Tile_rc|1
ATACCCTTTGGAATTGTAACCCTGGTTAGAAATAGCTCCCGTTGCTCTATACTTGCATAG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TATATCCTTGCATTGCCTTTATACCCTTTGGAATTGTAACCCTGGTTAGAAATAGCTCCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TATATATATATACATATGTACAGTTAAAAGCACATAGACATATATCCTTGCATTGCCTTT
>HPV83_Alpha_5059324_nt3741_Genome_Tile_rc|1
CATACCCGTATTACACACTATATATATATATACATATGTACAGTTAAAAGCACATAGACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3761_Genome_Tile_rc|1
CACTTATACACTATTGGTTACATACCCGTATTACACACTATATATATATATACATATGTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3781_Genome_Tile_rc|1
GGCTCAGGTATTTGCAAACACACTTATACACTATTGGTTACATACCCGTATTACACACTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TATATGGTGTGGTGTATAGTGGCTCAGGTATTTGCAAACACACTTATACACTATTGGTTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3821_Genome_Tile_rc|1
GTAATCCAGGGTTGTACTGGTATATGGTGTGGTGTATAGTGGCTCAGGTATTTGCAAACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt3861_Genome_Tile_rc|1
GCACAAGAAATATGACACCACAAACAAATCAAGCACAAATATGTAATCCAGGGTTGTACTGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt3961_Genome_Tile_rc|1
ACTTGTACATATAGCAATAACAACCCCAAATACAATATACACATAAAACACAACAAATGCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt3981_Genome_Tile_rc|1
TAAACCCATACACCACAATACTTGTACATATAGCAATAACAACCCCAAATACAATATAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt4101_Genome_Tile_rc|1
CAATTAAATCATATGCCTGCCCCACCTCTAGCCTCCAATGGATACATAGTGATTGTAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt4141_Genome_Tile_rc|1
AAAATAATAAGCAGTAATCCCACTTCGTCCCGCCAATAACAATTAAATCATATGCCTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt4161_Genome_Tile_rc|1
TAATAATTACGATGAGAATTAAATAATAAGCAGTAATCCCACTTCGTCCCGCCAATAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CCGCATGTACAGCAAAATAATAATAATTACGATGAGAATTAAATAATAAGCAGTAATCC
>HPV83_Alpha_5059324_nt4201_Genome_Tile_rc|1
GGTGGTTACATATGTAGTAGCCGCATGTACAGCAAAATAATAATAATTACGATGAGAATT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TGTGGTATACAGGAAGGGGAGGTGGTTACATATGTAGTAGCCGCATGTACAGCAAAATAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4261_Genome_Tile_rc|1
AAGAAAGTAAAAACAAACAGTACAAAACAATACCCTACATGTGGTATACAGGAAGGGGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt4321_Genome_Tile_rc|1
GCCCTTTTGC GCCGCTATGCACATGGGACATTGTATATATAACTATGTTTATTGCCAAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4421_Genome_Tile_rc|1
TAAAAACCTATCGGCCCATGTGTACCTTCAATTTTAGGGACTATATCAGGGGGGCATGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CGTTATATCCAATACTGCGGGGGTGTAGTGGAGGAAGTAGTAACCTCAAAGCCATGTGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt4741_Genome_Tile_rc|1
TGTACCGTGGCGGACGACGGCGTTATATCCAATACTGCGGGGGTGTAGTGGAGGAAGTA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GGAGGGTTCCAAGGGCTGTAGCTCAATGGACTCCGTGGGCGGAATGGGGCTAATATCATG
>HPV83_Alpha_5059324_nt5341_Genome_Tile_rc|1
TATAAGGAGGTGTTTGCCACGGAGGGTTCCAAGGGCTGTAGCTCAATGGACTCCGTGGGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5401_Genome_Tile_rc|1
GAGGGGGATGGCCGCAGGGGCACCGAGGACTCCAAAAAACATCATCTGCATATATGTCA

>HPV83_Alpha_5059324_nt5441_Genome_Tile_rc|1
AGCAGAAACATTAGTGGACTGCAAGGACACAGAGGTGGATGAGGGGGATGGCCGCAGGGG
>HPV83_Alpha_5059324_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TGTGCAGTCACAGCAGAGGTAGCAGAAACATTAGTGGACTGCAAGGACACAGAGGTGGAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt5561_Genome_Tile_rc|1
AGAAGGGTCTGCAGGCATATGAGCAGCACCGTGTATGTCAGGGCCTGAAAGGGCAGGTAC
>HPV83_Alpha_5059324_nt5581_Genome_Tile_rc|1
ATATTAGATGGCACAGGAACAGAAGGGTCTGCAGGCATATGAGCAGCACCGTGTATGTCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt5601_Genome_Tile_rc|1
TAAACACAGACTGAATAGGAATATTAGATGGCACAGGAACAGAAGGGTCTGCAGGCATAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt5641_Genome_Tile_rc|1
AAAATGTAGTTAGGCAATAAATAATAGTCAGTACCGTCTATAAACACAGACTGAATAGGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6161_Genome_Tile_rc|1
CCAATGATAATAAGCTGCGTTTGTGTGTGTAATCCACTGAGACATTGTACGCCTATCTGTG
>HPV83_Alpha_5059324_nt6541_Genome_Tile_rc|1
TGTTCCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGAGGTAGGCAGCACCTCGCCCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6561_Genome_Tile_rc|1
ATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCTACTATTAGCAGATGTGCCTGGAATATAATAAGA
>HPV83_Alpha_5059324_nt6581_Genome_Tile_rc|1
GAGCCACTAGGAGTAGGAGCATAGATGTAGCTGGTAAGAGTGTTCCTACTATTAGCAGAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt6841_Genome_Tile_rc|1
CAGGGGTCAGATGTATTTTGCAAAGTTGCAATATAACCTGTAAGTCATATTCCTCTGTGT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7281_Genome_Tile_rc|1
CACATACATAACACAAAGGCATACCACCGCATATAGGCATAACACTGCACAAACACAGAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7301_Genome_Tile_rc|1
AACACATACAACGGTACTGCCACATACATAACACAAAGGCATACCACCGCATATAGGCAT
>HPV83_Alpha_5059324_nt7321_Genome_Tile_rc|1
GCACAAACATATAATACACAAACACATACAACGGTACTGCCACATACATAACACAAAGGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt7341_Genome_Tile_rc|1
CAGACAAAACACAGATACATGCACAAACATATAATACACAAACACATACAACGGTACTGC
>HPV83_Alpha_5059324_nt7361_Genome_Tile_rc|1
AGATACATACATACTACACAGACAAAACACAGATACATGCACAAACATATAATACACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt7401_Genome_Tile_rc|1
AACACATACATTCCACAATGTATACATACAAAACACACAGATACATACATACTACA
>HPV83_Alpha_5059324_nt7561_Genome_Tile_rc|1
AAAAGGAAGTAGTAACCTACGGGGTCAGGAACATATAGGGTGGTGCAGGACATAGGTGCCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt7681_Genome_Tile_rc|1
GTTGGCACAGAAAGTATGCAGGATATGAGTTAATAAGGGATTACTTACCATTGTGTGTAA
>HPV83_Alpha_5059324_nt7761_Genome_Tile_rc|1
GAAGTACAAGTACAATATAAGCCTGTCAAAAAATCATATTGTGCAGCCAACAACTGTCA
>HPV83_Alpha_5059324_nt7881_Genome_Tile_rc|1
AACTGCAGGATTACTGGATAGACACATAGTTGGCTACTGCAATAGTCTACATGTCCAAAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt0021_Genome_Tile_rc|1
AATCGTAGGTCGTGCAACTCCACCTCGTATTCCTGGCACAGCACAAAAATATTGGTGGGG
>HPV84_Alpha_12958167_nt0441_Genome_Tile_rc|1
CTCGTCACAGTATAAACTAACTACATCTGGTATATCTGTTAAAATAATATCCTTTAACGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt1321_Genome_Tile_rc|1
TCTTACCAGATCCATAAAGGACAGCCCAATAGTTCCTTAAATTTTCCCTAATAGTTTTAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt1541_Genome_Tile_rc|1
AAATGCCACCTATACAGTGCCTACTGTTCCTGCTTTTGTACACTTAAAGCGCAGTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt1561_Genome_Tile_rc|1
ACGTTTTTTCGGGTACATTTAAATGCCACCTATACAGTGCCTACTGTTCCTGCTTTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt2361_Genome_Tile_rc|1
TCTGGATTTATGTTTGTGTATTAGTAACGGAGGACATTTTAACTGTACTAGGTTTTTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt2421_Genome_Tile_rc|1

TTGTTTAAAAAGGGAAAAATAACCATTTCGGCTGCGTAAGTATTTAAATGTGTCATCAGTT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3001_Genome_Tile_rc|1
GGTACCTTATACCAGGTGTCCTCACTGGCACAATGTACATATATAAACCCCCAGTTTACA
>HPV84_Alpha_12958167_nt3021_Genome_Tile_rc|1
CTCTGTTGCTAATCTGTCCAGGTACCTTATACCAGGTGTCCTCACTGGCACAATGTACAT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TTGCAGTTCATAATACAGCCCTCTGTTGCTAATCTGTCCAGGTACCTTATACCAGGTGTC
>HPV84_Alpha_12958167_nt3361_Genome_Tile_rc|1
CTGTCAACCGGCCGGTGTCTTGTGTAGAGTCGGGCTGCTGAACTGTGTCCCCCTCCGAGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3401_Genome_Tile_rc|1
TTTTGGGCTGTCACAGTTATTGTTTGTCTTGTGTGCAACTGTCAACCGGCCGGTGTCC
>HPV84_Alpha_12958167_nt3461_Genome_Tile_rc|1
GGATTGACCTTTTAGGTGTAGGACAGGTGCACTGTACAGTTACTGTGTCCCGTGGCCG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3521_Genome_Tile_rc|1
CCTTTCAAACAGGTCAGGCACCGACTGGTGTAACCTATATCGAAAGCACTTAAGGCTATT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3621_Genome_Tile_rc|1
CCAAGAGCTGTTTGCCTGGTCCGTACTTTTATACCATAGTGTACATATGATGTTTTGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt3681_Genome_Tile_rc|1
ACATAACCATAGACATACTACCAAGTGTGGCTACAATGCCTTTTGGTATATGTACACGTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt3721_Genome_Tile_rc|1
ATACAGCATTTACACTATACATATACAATGGGTACTGTTTACATAACCATAGACATACTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt3761_Genome_Tile_rc|1
GGTATGTAGGACATACACAATTGTTACAAAATGGCTCAGTAATACAGCATTTACACTATAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt4041_Genome_Tile_rc|1
GGGACCCCGTAATTGCATGGGATACATAATAGGTAGGACCGGGACTGTACAGGGATATGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AATAATAGTAAAAAGACCTACATCACCACGCTCAAACACCACTATGTCATACCCACCCTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ATAATAACAATTAAAAGCAAAATAATAGTAAAAAGACCTACATCACCACGCTCAAACACC
>HPV84_Alpha_12958167_nt4141_Genome_Tile_rc|1
GGTGGCACAGCCAAAGTAAAATAATAACAATTAAAAGCAAAATAATAGTAAAAAGACCTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt4161_Genome_Tile_rc|1
ACTTTAAACTGCATAACACGGTGGCACAGCCAAAGTAAAATAATAACAATTAAAAGCAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt4181_Genome_Tile_rc|1
ATGTACAAAAATACAAAAGCACTTTAAACTGCATAACACGGTGGCACAGCCAAAGTAAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TACCAAGTGTTTATTATAGTATGTACAAAAATACAAAAGCACTTTAAACTGCATAACAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TTTAAGAACCTTGGGCATGGTACCAAGTGTTTATTATAGTATGTACAAAAATACAAAAGC
>HPV84_Alpha_12958167_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TCGTAGGTATGTGACCCGACGTGGCTGTACTAGACAACACATGACCAGTAATGTCCCCT
>HPV84_Alpha_12958167_nt4801_Genome_Tile_rc|1
AGGTTTGCATGGGGATTCTTCTCGTAGGTATGTGACCCGACGTGGCTGTACTAGACAACA
>HPV84_Alpha_12958167_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AGCAGAGGATGATACCAGGGGCTGCAGCTCAATATCCTCAAGATGTGGTATAGGGCTAAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt5261_Genome_Tile_rc|1
TATAATGAATCCGTAGGCACAGCAGAGGATGATACCAGGGGCTGCAGCTCAATATCCTCA
>HPV84_Alpha_12958167_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GCAGAAACGGAAGGGGACGCAATACAGAGGACAAATGGGCATCATCTGCATATATATCA
>HPV84_Alpha_12958167_nt5401_Genome_Tile_rc|1
CAGTGACATTATCATATGTGGAGGCGGTTATGGAGGTGGCAGAAAGGTCTGCAGAGGCAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt5441_Genome_Tile_rc|1
CCTGTATAGACGGGCACATCGGTGCCAGAAAACAACGGGACAGTGACATTATCATATGTG
>HPV84_Alpha_12958167_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CAGAATGGTCAATATCAGGGCCTGTATAGACGGGCACATCGGTGCCAGAAAACAACGGGA

>HPV84_Alpha_12958167_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GGGAGGTGCGGAGGGAGCAGCAGAATGGTCAATATCAGGGCCTGTATAGACGGGCACATC
>HPV84_Alpha_12958167_nt6701_Genome_Tile_rc|1
GGTATTCCTTAAAATTGGTAGGTTTATATTCTGATTCCGGTGTGGTAGCAGCACTAATAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt7141_Genome_Tile_rc|1
AGACACCAAACAAACAGACACATATTACTTTTTGGCCTTACGCCGTTTGGAGGCAGGGGG
>HPV84_Alpha_12958167_nt7161_Genome_Tile_rc|1
GACACCAAACAAACAGACACAGACACCAAACAAACAGACACATATTACTTTTTGGCCTTA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7241_Genome_Tile_rc|1
ATACATACACATTATACATAACAGGGCACATACAGAACAGTACAAAACACATACAAAATG
>HPV84_Alpha_12958167_nt7261_Genome_Tile_rc|1
CAGGGGCACGCATTCCATAAATACATACACATTATACATAACAGGGGCACATACAGAACAG
>HPV84_Alpha_12958167_nt7301_Genome_Tile_rc|1
ACACATTCCACAAATACATGTACACAACATACACAACATACAGGGGCACGCATTCCATAA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7421_Genome_Tile_rc|1
TTATACCCCTTAAAGGAAACAGTAGACCTACCCAGGCGTGATCATGGTGCACACTTACTCA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7441_Genome_Tile_rc|1
TTGCATACAAAATGGAGGCTTTATACCCCTTAAAGGAAACAGTAGACCTACCCAGGCGTGT
>HPV84_Alpha_12958167_nt7581_Genome_Tile_rc|1
TAGCATATTGAAATAGCTGACAGACACCTGGGTGCGGACGTCTGCAGCTGCCTACGCA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7621_Genome_Tile_rc|1
ATGAGTAAGTAAACCTATAAACTGTAGACAATACATTTATTAGCATATTGAAATAGCTGA
>HPV84_Alpha_12958167_nt7801_Genome_Tile_rc|1
ATTGTTGTAAAGTATAAGAAAATAGTATGAATAACATAGCAACCGAAACGGGTGTGTTAC
>HPV84_Alpha_12958167_nt7821_Genome_Tile_rc|1
CCCTATTTTTTTTACTGTATCATTGTTGTAAAGTATAAGAAAATAGTATGAATAACATAGC
>HPV39_Alpha_333245_nt1181_Genome_Tile_rc|1
TGCCTACTTTTTTTCCATACGGTCTAGTGTGCCACTGCTGTCTGTATACTTTCGTTTTTA
>HPV39_Alpha_333245_nt1221_Genome_Tile_rc|1
ACATTTAATGAAATTTCCCTGTAGTGTCCCCTGGTATTCCTGCCTACTTTTTTTCCATAC
>HPV39_Alpha_333245_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TTGGATTGTAACAATAATTTAATTTGTGCAGTTGGAGATTTGGGATCCTGGTTTTCTACTA
>HPV39_Alpha_333245_nt1481_Genome_Tile_rc|1
GCATTGCAGCCTTTTTTGTATTGGATTGTAACAATAATTTAATTTGTGCAGTTGGAGATT
>HPV39_Alpha_333245_nt1501_Genome_Tile_rc|1
TGTTTCTTTTAAATTGTGTTAGCATTGCAGCCTTTTTTGTATTGGATTGTAACAATAATTT
>HPV39_Alpha_333245_nt1681_Genome_Tile_rc|1
TAGTACTCCTTGTGTTTGTGTCTAAGCTTTGTATATGTGTATATAAGGCATATTTGTTGAT
>HPV39_Alpha_333245_nt3181_Genome_Tile_rc|1
ATATTATTTTTTATAATATATAGCACCCCATAAATACATAGTTCATAGCATTACATTTGTCC
>HPV39_Alpha_333245_nt3281_Genome_Tile_rc|1
CGCATCTTGAATAAACACTTCATAGTATACTTTTAGGTGCTCGTTCATATAATATATACC
>HPV39_Alpha_333245_nt3301_Genome_Tile_rc|1
CCACTAGTCCCATACCTTTCCGCATCTTGAATAAACACTTCATAGTATACTTTTAGGTGC
>HPV39_Alpha_333245_nt3581_Genome_Tile_rc|1
TGTGTTGTGGCCTGTACTGTTACTGTGGAGTGGGTTGTTAAGATGGTCCAGGGACACTCC
>HPV39_Alpha_333245_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CGTTGTGACTCTGTGGCATATGTAACAGTTAATATGCCAGCGTTTTTGGTTCCTTACCC
>HPV39_Alpha_333245_nt3861_Genome_Tile_rc|1
ATAGTATACTTTACAATGTCATGTAACCCAATGAAACATGTACACTAGAAGGTATTTTAA
>HPV39_Alpha_333245_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AATATACATACACAATATCCATAGTATACTTTACAATGTCATGTAACCCAATGAAACATG
>HPV39_Alpha_333245_nt4121_Genome_Tile_rc|1
AGTACTATATCATATCCATTGCCAGTCTATGCAACAACCACATGGGCAATACAAAAATA
>HPV39_Alpha_333245_nt4181_Genome_Tile_rc|1

TAACAAAAAAAAATATAAAAAGCTATGTACAGTAGTTATGCACAATGCACATACATATAC
>HPV39_Alpha_333245_nt4321_Genome_Tile_rc|1
ATTTTGTGTCAGCAAGTGTAGTACCCTCAACTTTATCAACAACGTCTGGTGGACAGGTACCC
>HPV39_Alpha_333245_nt4681_Genome_Tile_rc|1
TCCGTAAAGGCAGGGTTAGTATAACTAGTAGAGGTATTTGTACAGACCCAGAGGAGGGT
>HPV39_Alpha_333245_nt4701_Genome_Tile_rc|1
GAACCTCAATTAAGGAAGGATCCGTAAAGGCAGGGTTAGTATAACTAGTAGAGGTATTT
>HPV39_Alpha_333245_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TAGGGGCTGTAATTCATGCTTTTCAGCAGGAGCAATACTACTAATGTCATGGTAATAATG
>HPV39_Alpha_333245_nt5241_Genome_Tile_rc|1
CAAATAATGCATCTGAAGCATCAGAGGGCTCAGCGTGAAGTAGGGGCTGTAATTCATGCG
>HPV39_Alpha_333245_nt5301_Genome_Tile_rc|1
CCCTTGTTATTATTAAATGCAGTATCTAAATATGTGTTATTGTCCACATCAGCATATATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GTTATATGTAGTGCCCGAATCCCTTGTTATTATTAAATGCAGTATCTAAATATGTGTTATT
>HPV39_Alpha_333245_nt5341_Genome_Tile_rc|1
ACAGAAGGTAGTGAGCCTGTGTTATATGTAGTGCCCGAATCCCTTGTTATTATTAAATGCA
>HPV39_Alpha_333245_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TAGTAGATGCTGAAGAAGCCACAGAAGGTAGTGAGCCTGTGTTATATGTAGTGCCCGAAT
>HPV39_Alpha_333245_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AATAGTTGTATTGGCATATTTAGTAGATGCTGAAGAAGCCACAGAAGGTAGTGAGCCTGT
>HPV39_Alpha_333245_nt5481_Genome_Tile_rc|1
CTATTGGTCCAGAAGGCACCAATGGCAACTGTGGAGTAGTACTTGGTAAAGCAATATCAG
>HPV39_Alpha_333245_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GGTTATTGCATATGTTGTGTCTATTGGTCCAGAAGGCACCAATGGCAACTGTGGAGTAGT
>HPV39_Alpha_333245_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TAATAATTGGAACCCCTGAATGGTTATTGCATATGTTGTGTCTATTGGTCCAGAAGGCACC
>HPV39_Alpha_333245_nt6461_Genome_Tile_rc|1
GAGGGGCAGTATACAGAACTACCGGGGTTTGCACGTATATCTGTGCCCTTAATATACAAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6481_Genome_Tile_rc|1
TTACCATGGAACCGCTGGGAGAGGGGCAGTATACAGAACTACCGGGGTTTGCACGTATAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6501_Genome_Tile_rc|1
AAATAACTGGGAATCAGAGGTTACCATGGAACCGCTGGGAGAGGGGCAGTATACAGAACT
>HPV39_Alpha_333245_nt6621_Genome_Tile_rc|1
AGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGTCCACAACAGTAAGAAATAATTG
>HPV39_Alpha_333245_nt6641_Genome_Tile_rc|1
GAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGTTGGTACTACGGGTAGTGTCC
>HPV39_Alpha_333245_nt6661_Genome_Tile_rc|1
ACTTAGAAGGATCATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTATAGAGGTAGATAATGTAAAGT
>HPV39_Alpha_333245_nt6681_Genome_Tile_rc|1
GTGCCTGGTATATTCCTTAACTTAGAAGGATCATATGTAGAAGGTATGGAAGACTCTAT
>HPV39_Alpha_333245_nt6841_Genome_Tile_rc|1
ATCTGTAAAGTGTCTACCAAATGGCAGATGGTGGAGGAGCTACAGCAAAATTTCCAATTGT
>HPV39_Alpha_333245_nt7061_Genome_Tile_rc|1
GACGAGGAAGTGGATGCAGCAGGCCGCTTTCGGGGACCTATAGTAGGGCGCCTGCGGACC
>HPV39_Alpha_333245_nt7081_Genome_Tile_rc|1
GTTTGTGTTTAGTAGCTGAGGACGAGGAAGTGGATGCAGCAGGCCGCTTTCGGGGACCTA
>HPV39_Alpha_333245_nt7141_Genome_Tile_rc|1
ACAAACAACATACACACATAACAAGGCATACACATGCATTATTTAGACACACGTTTAC
>HPV39_Alpha_333245_nt7161_Genome_Tile_rc|1
TACACTCAACACATAAGGAAACAAACAACATACACACACATAACAAGGCATACACATGCA
>HPV39_Alpha_333245_nt7281_Genome_Tile_rc|1
AGACCTATTATATGTAAAACAAATACACTGTTAGTCACAGGGTGTGCAATCACACATGAA
>HPV39_Alpha_333245_nt7381_Genome_Tile_rc|1
AAGTATAAAATGTAGAAACGCATACAACAATGTAAAAATTACATATTAGGTAGTAAACAC

>HPV39_Alpha_333245_nt7721_Genome_Tile_rc|1
GCTACATTAGTCACTTGTATAACTTATACTGTAAGACACATTCTGAATCAAAAAGTAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CTCTTATGTCTTCAAACATGGTGTCTTATGTATTTTTTCGTGCTTGCTTTTATATGCACC
>HPV82_Alpha_6970427_nt0281_Genome_Tile_rc|1
CTATACCTTCTGTATTCTCTAATTCTAGAATAAAACATTAGGCATTTTTTGCATGCTGCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TTATTACACCTGGGTTTCACTACGTTGTCTTGGTGGTTTTCTGCAATTTGCACACTGTCC
>HPV82_Alpha_6970427_nt0941_Genome_Tile_rc|1
GTATCATTTGTATCTTCCTCCTCATCGTCTGATATATTATCTCCCGTTTTTTTGTCAACT
>HPV82_Alpha_6970427_nt0961_Genome_Tile_rc|1
AATCTATTATATCAGACCCTGTATCATTTGTATCTTCCTCCTCATCGTCTGATATATTAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt0981_Genome_Tile_rc|1
ACTATTACTTGTATCTATAAAATCTATTATATCAGACCCTGTATCATTTGTATCTTCCTC
>HPV82_Alpha_6970427_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TTCCAGGTCTATCTCTGTACTTCTGTCTGCTGCTCCCCCGCCACTACACATACTATGTTG
>HPV82_Alpha_6970427_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TTGGTAGCATTTTCGTTTGTTTCCAGGTCTATCTCTGTACTTCTGTCTGCTGCTCCCCCG
>HPV82_Alpha_6970427_nt1381_Genome_Tile_rc|1
ATATACTGTTTAGTCTTACATTGGTAGCATTTTCGTTTGTTTCCAGGTCTATCTCTGTAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt1401_Genome_Tile_rc|1
GCTACATTTTAACACTGCACATATACTGTTTAGTCCTACATTGGTAGCATTTTCGTTTGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt1641_Genome_Tile_rc|1
AAATCTAGCTAACAGTAGCACAAATAGTACCCCAATCACATGATAGGCATTGTATATGGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt1661_Genome_Tile_rc|1
AGTCTGTTTTTGGCACATGTAAATCTAGCTAACAGTAGCACAAATAGTACCCCAATCACAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt1681_Genome_Tile_rc|1
CTAAACATTTGGCAATGGTAAGTCTGTTTTTGGCACATGTAAATCTAGCTAACAGTAGCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt2181_Genome_Tile_rc|1
TTTAAATGTTTGTATAAAATACATAAAGTTAATACCCTGGTATCGCAAAAATTTAGCTAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt2421_Genome_Tile_rc|1
ATTTAGGAAATTTCTTAGGTACTGGTCTATATATGTCCAACAGCCATATGTGGCATCATC
>HPV82_Alpha_6970427_nt2521_Genome_Tile_rc|1
TTGGATCTTCTTTTGGATTGATATTTGAGGTAATAAGCAATGGTGGGCATACAATTTGCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt2861_Genome_Tile_rc|1
CTACTTGATGGTTAAGGGTTTGCATGTTTCTTCTCGTGCAGTATAAAACATAGCACATT
>HPV82_Alpha_6970427_nt2881_Genome_Tile_rc|1
TGATACTGCCGATGCTGGTACTACTTGATGGTTAAGGGTTTGCATGTTTCTTCTCGTGC
>HPV82_Alpha_6970427_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TTTGTTTACATCTGGTTTGTAAATAAATACCTGTATAGTCCACGTTTCCCTGTGTTTTTAC
>HPV82_Alpha_6970427_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TTAAATGTTACATAATATTCTTTGTTTACATCTGGTTTGTAAATAAATACCTGTATAGTCC
>HPV82_Alpha_6970427_nt3221_Genome_Tile_rc|1
CATATTTTTTTGCTTCATCTTTAAATGTTACATAATATTCTTTGTTTACATCTGGTTTGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt3401_Genome_Tile_rc|1
GTTGTTGTGGTGTCTGGGCTTCTGTGGTGCCCGGAGGCGGAATAGGTATTGGTCGTGG
>HPV82_Alpha_6970427_nt3721_Genome_Tile_rc|1
TTTAACAGTATCAATAAACTTTTGACGTTGGTGTGCACTGTCAAATGTAATTGTAACAAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TAAACACACCAAAAACACCGCAATGGTTGCGAGTAACTATATACACTTAGCAGCACATAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt4041_Genome_Tile_rc|1
TAATAAAAAGCATGGAATATAAAAACAAATCAAGTATACAGTAAATGTAGTTAAAGGTGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt4061_Genome_Tile_rc|1
ATAGAAAAGGTATATAAATGTAATAAAAAGCATGGAATATAAAAACAAATCAAGTATACA
>HPV82_Alpha_6970427_nt4101_Genome_Tile_rc|1

AATACAAAAACATACAAAGTTTTATTGTGTAAGTTGCAAAATAGAAAAGGTATATAAATG
>HPV82_Alpha_6970427_nt4121_Genome_Tile_rc|1
GTGCAGCCACCATTGTATATAATACAAAAACATACAAAGTTTTATTGTGTAAGTTGCAAA
>HPV82_Alpha_6970427_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TACTGTACCAGCGGAAGGTGTAATGTCTAAAACCGCAGGAGTTGTTGTAGAAGAGGAAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt4801_Genome_Tile_rc|1
CCTGCTATATAAACGAGGTGCAGCAATGCGGCGCACCCCAGGGGTGGGTGTACTGCTAAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt4841_Genome_Tile_rc|1
TAATAAAGTCTGGATTAGTAACCTTAACCTGTGAAAATGCCCTGCTATATAAACGAGGTG
>HPV82_Alpha_6970427_nt4921_Genome_Tile_rc|1
AGTAGGTTCCCTCAAAGGACAATGATGTATCAGCAGGTTCAAAGCAGGATTATCAAAGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GTAGTTGTGTAGACAAAGGAGAAAATGGAGAGCGAAGCATAGGTGTGGTTTGTGTAGGCT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5281_Genome_Tile_rc|1
AACAGAGGAAGACAATGAAGGTAGTTGTGTAGACAAAGGAGAAAATGGAGAGCGAAGCAT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5301_Genome_Tile_rc|1
ACATTAGCATAAGATGAAGAAACAGAGGAAGACAATGAAGGTAGTTGTGTAGACAAAGGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TGGTAGAAAAAGGGATAGTAACATTAGCATAAGATGAAGAAACAGAGGAAGACAATGAAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AACACAACATCAGGACCCGTATGAATAGGAACATTATATGTGGTAGAAAAAGGGATAGTA
>HPV82_Alpha_6970427_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GCATGTTGTGTGTCAATAGATGTGTGTGGAATAAAGGGCCACACAGTGGGTGAAGTAGGT
>HPV82_Alpha_6970427_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TACGGCCACAAAGTAGTAATCCCCACCTTGTATAACAATAGCATGTTGTGTGTCAATAGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7041_Genome_Tile_rc|1
TACATAGGCAGGGCGAACCTATTTTTTAACCCTTTTACGTTTGGCAGACGAGGAAGCGGA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7361_Genome_Tile_rc|1
CTGTGGTACATGCAATACAGCAAGAACATATATATACAAGTGTGCTGCAAGCCACAAATA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7381_Genome_Tile_rc|1
GGAAAAAACAAAATGGAATCCTGTGGTACATGCAATACAGCAAGAACATATATATACAAG
>HPV82_Alpha_6970427_nt7481_Genome_Tile_rc|1
AATTAAGGGTTATGCCAAAAACATAGGTAGTGTGGTTCAAAGTTGGCAAATGTAGTCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7501_Genome_Tile_rc|1
TGTACATACCATGCCAAAAGAATTAAGGGTTATGCCAAAAACATAGGTAGTGTGGTTCA
>HPV82_Alpha_6970427_nt7701_Genome_Tile_rc|1
CAGAGACATTTAGTTCATGACCTGCCAAGTATGCAATTAATAAAGGCCAAAATAAGCCAAA
>HPV51_Alpha_333087_nt0061_Genome_Tile_rc|1
TCTTTCCCTCTTGTCTTCGAACATGGTGTCTTCTATACTTTTACCACTGCACTTTTATA
>HPV51_Alpha_333087_nt0281_Genome_Tile_rc|1
ACCTGCTATAACGTCTATACTCTCTAATTTTTGAATAAAACAGTAAACATTGTTTGCATA
>HPV51_Alpha_333087_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TGGCTTTATTACACTTGGGTTTCGTACGTTGTCGTGTACGTTGCCAGCAATTAGCGCAT
>HPV51_Alpha_333087_nt0981_Genome_Tile_rc|1
ATACTAGTTTCACTATCTATAAAGTTTATTAAATCAGATCCTGTATCATCTGCATTTTCA
>HPV51_Alpha_333087_nt1161_Genome_Tile_rc|1
TGTGACTCGTTTGCCTGACTATGGCTGTGTGTGTTGTTTTGATTGTGAATGTCTCCTAAT
>HPV51_Alpha_333087_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TCTACATTTGCACAGCTTTCTGTTGTTTCCACATCCATAACACTGCCCCCCCCGCTACTA
>HPV51_Alpha_333087_nt1621_Genome_Tile_rc|1
ACATGAAAACCTAATTAGCATTAATACAATGGTGCCCAATCACATGATAAACATTGTAT
>HPV51_Alpha_333087_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CTCCATCCTTTGCTCTATCACATCTATACCTTATCCAGGCTGACATAGATAATGATTTTC
>HPV51_Alpha_333087_nt2101_Genome_Tile_rc|1
AGCAATTTCTCTCCAGTTGCCTCCATCCTTTGCTCTATCACATCTATACCTTATCCAGGC

>HPV51_Alpha_333087_nt2121_Genome_Tile_rc|1
CCTTGATATCTTAAAAATTTAGCAATTTCTCTCCAGTTGCCTCCATCCTTTGCTCTATCA
>HPV51_Alpha_333087_nt2501_Genome_Tile_rc|1
TTAGGTTTGCATCCTCTTGTGGATTTATGTTTGACGTTATTAGTAATGGTGGACATACTA
>HPV51_Alpha_333087_nt2521_Genome_Tile_rc|1
TACCCCTGTATGTAAATACATTAGGTTTGCATCCTCTTGTGGATTTATGTTTGACGTTAT
>HPV51_Alpha_333087_nt2841_Genome_Tile_rc|1
CTGGTACTACCTGGTGATTGATTGTTTCGTAAAGTTTCTTTCCCGTGCTGCATAAAACATAG
>HPV51_Alpha_333087_nt3021_Genome_Tile_rc|1
ATATAACTGTTACAGTTATGCCCCCTTTTGTAAACATTGCTTGGGAGCCACACACCATA
>HPV51_Alpha_333087_nt3101_Genome_Tile_rc|1
CTTTACCCACTTATCATTATCATATATATATAAAATTTCCAGCTTGTATAGTCCATTGC
>HPV51_Alpha_333087_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TAGTCCACATTTCCATTTGTCTTTACCCACTTATCATTATCATATATATATAAAATTTTC
>HPV51_Alpha_333087_nt3141_Genome_Tile_rc|1
CAGTGTAATATATACCCGTATAGTCCACATTTCCATTTGTCTTTACCCACTTATCATTAT
>HPV51_Alpha_333087_nt3161_Genome_Tile_rc|1
ATATTCTTTTTTTGAATTTACAGTGTAATATATACCCGTATAGTCCACATTTCCATTTGT
>HPV51_Alpha_333087_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TCATCTTTAACTGTACATAATATTCTTTTTTTGAATTTACAGTGTAATATATACCCGTA
>HPV51_Alpha_333087_nt3601_Genome_Tile_rc|1
GTTGAGGATACGTTTTTATATAACCCCTTTGTGTTTTGTAAATCTGTATCTAAAACATTTT
>HPV51_Alpha_333087_nt3721_Genome_Tile_rc|1
CCCAATGACAGTGTTACACTTGGGGGTACTTTAATGGTTTTTATAAATGTTTCCCGTTGA
>HPV51_Alpha_333087_nt3741_Genome_Tile_rc|1
CTAGTTACAGTGTCATAATTCCCAATGACAGTGTTACACTTGGGGGTACTTTAATGGTTT
>HPV51_Alpha_333087_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TGTACAATACATATATTACACTAGTTACAGTGTCATAATTCCCAATGACAGTGTTACACT
>HPV51_Alpha_333087_nt4021_Genome_Tile_rc|1
TGTAAGAGTAAACAAGGTAAGTAAAAAATCAAATATACAAAAATGTAGTTAATTGG
>HPV51_Alpha_333087_nt4041_Genome_Tile_rc|1
AAAGTAAAAATGTATATAGATGTAAAGTAAACAAGGTAAGTAAAAAATCAAATATA
>HPV51_Alpha_333087_nt4081_Genome_Tile_rc|1
CCACCATATTTAATCACAAAAATATAACAAGTTTATTGCAAAAGTAAAAATGTATATAGA
>HPV51_Alpha_333087_nt4341_Genome_Tile_rc|1
CCTTGCAGGAGCAATATCCACCACGCCTGGGCGACCCCCACCACCTAAAGGGATATATCC
>HPV51_Alpha_333087_nt4401_Genome_Tile_rc|1
CTCAACCAAAATTTACTATAGAAGGTTTCAGTATGGTGCCATAGGTCAATTATAATAGGTGG
>HPV51_Alpha_333087_nt4621_Genome_Tile_rc|1
GTAAATATATATCTGACACTTCTCCAGATTGTGGAGCCTCAATGGATGGAGGTTCAATAT
>HPV51_Alpha_333087_nt4661_Genome_Tile_rc|1
GGTATTTCTTCATACCCATGAGTACCAGAGTAGTGTACTAGTAAATATATATCTGACACT
>HPV51_Alpha_333087_nt4761_Genome_Tile_rc|1
ACTATACAAGCGGGGAGCAGCTATGCGACTAACCCTGGAGTAGGTGTGCTGCTAATAGG
>HPV51_Alpha_333087_nt4781_Genome_Tile_rc|1
TTAACCTGTGTGTAGGACTTACTATACAAGCGGGGAGCAGCTATGCGACTAACCCTGGA
>HPV51_Alpha_333087_nt4801_Genome_Tile_rc|1
TAAATCAGGATTTGTAACTTTAACCTGTGTGTAGGACTTACTATACAAGCGGGGAGCAG
>HPV51_Alpha_333087_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AGATGAAGACATAGATGAAGATAAGGAGGGCAACTGCCTAGACAAAGAGGAGTGTGACAT
>HPV51_Alpha_333087_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GGAATAGTAACATTTGCATAAGATGAAGACATAGATGAAGATAAGGAGGGCAACTGCCTA
>HPV51_Alpha_333087_nt5281_Genome_Tile_rc|1
CAGAATATGTAGTTGAAAATGGAATAGTAACATTTGCATAAGATGAAGACATAGATGAAG
>HPV51_Alpha_333087_nt5321_Genome_Tile_rc|1

GATGTGGGCAATACCACATCAGGCCCTGTATGAATAGGAACAGAATATGTAGTTGAAAAT
>HPV51_Alpha_333087_nt5341_Genome_Tile_rc|1
CATAAGGCCATACTGTAGGAGATGTGGGCAATACCACATCAGGCCCTGTATGAATAGGAA
>HPV51_Alpha_333087_nt5361_Genome_Tile_rc|1
GTCAATGGAAGTGTGGGGAACATAAGGCCATACTGTAGGAGATGTGGGCAATACCACATC
>HPV51_Alpha_333087_nt5381_Genome_Tile_rc|1
ATAACAATAGAATGCTTGGTGTCAATGGAAGTGTGGGGAACATAAGGCCATACTGTAGGA
>HPV51_Alpha_333087_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TAAATGTGTATAGGGCCACAAATAGTAATCCCCACCTAGTATAACAATAGAATGCTTGGT
>HPV51_Alpha_333087_nt7001_Genome_Tile_rc|1
ACAAGCATACAAAACTAACATACATTACTTTTTAACACGTTTACGTTTGGCTGAAGAGG
>HPV51_Alpha_333087_nt7021_Genome_Tile_rc|1
ACAGGCATACAAACAGTGTGCACAAGCATACAAAACTAACATACATTACTTTTTAACACG
>HPV51_Alpha_333087_nt7301_Genome_Tile_rc|1
ATGGAAGCTACAAAGTATAACTAAATAGCACAAATATAAACTGTTGTGCTGCAAAAAATG
>HPV51_Alpha_333087_nt7421_Genome_Tile_rc|1
ATAAAAAAATGATGGTTTATGCCAAAAACAACGGCAGTTGTGGTTTAAACTTGGCAAA
>HPV51_Alpha_333087_nt7621_Genome_Tile_rc|1
TAGTATTTGACCTGCCAACTATGCAATTAGTAAGATAAAATATGCCAAAAAATACATGCC
>HPV51_Alpha_333087_nt7641_Genome_Tile_rc|1
GAAACTTGGCACTAAAAACATAGTATTTGACCTGCCAACTATGCAATTAGTAAGATAAAA
>HPV47_Beta_333062_nt0001_Genome_Tile_rc|1
ATAATATCCATTGTGAAATGATCTGTACCGCACCTGGTACATTAATGCAAACCTTACCGTT
>HPV47_Beta_333062_nt0121_Genome_Tile_rc|1
CCTGAGAAATAAATACACATTTATATATTTATTTATTTATATATTAATATAAAATACTGT
>HPV47_Beta_333062_nt0161_Genome_Tile_rc|1
CCTTCTGAGCCATTTGTCTTAATAATTGCAAAGAACTGAGCCTGAGAAATAAATACACAT
>HPV47_Beta_333062_nt0181_Genome_Tile_rc|1
AACTGTAGTCTGTTCCAAAGCCTTCTGAGCCATTTGTCTTAATAATTGCAAAGAACTGAG
>HPV47_Beta_333062_nt0201_Genome_Tile_rc|1
AGTTCTAGCTTTTCCTCTTTAACTGTAGTCTGTTCCAAAGCCTTCTGAGCCATTTGTCTT
>HPV47_Beta_333062_nt0221_Genome_Tile_rc|1
AGCCTCTAATAGTAGTAGGTAGTTCTAGCTTTTCCTCTTTAACTGTAGTCTGTTCCAAAG
>HPV47_Beta_333062_nt0241_Genome_Tile_rc|1
TATGTCTAACAATTGAGCTAAGCCTCTAATAGTAGTAGGTAGTTCTAGCTTTTCCTCTTT
>HPV47_Beta_333062_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TGCCACAAAAGTTGCAAGGTAGCAAACAATCTACTAAAGGTATGTCTAACAATTGAGCTA
>HPV47_Beta_333062_nt0501_Genome_Tile_rc|1
GACAGGCAGGTATGACACCTTATGTCAATCTCAAAAATGGAAAGGCCTGTAGCTAGCTCA
>HPV47_Beta_333062_nt0521_Genome_Tile_rc|1
TTTCAATAATGTCAAGAAATGACAGGCAGGTATGACACCTTATGTCAATCTCAAAAATGG
>HPV47_Beta_333062_nt0861_Genome_Tile_rc|1
CAGTCAAAAGTTCCCTGAAATGTCCTGATGCCACGGTTTGTGCGTTCACAAAAATGCGAA
>HPV47_Beta_333062_nt0881_Genome_Tile_rc|1
GCAGAGGAGCTGCAGATCACCAGTCAAAAGTTCCTGAAATGTCCTGATGCCACGGTTTGT
>HPV47_Beta_333062_nt1801_Genome_Tile_rc|1
TTAATTGTGCAATCCATTGAGGTAAGGACCGTGGGTGAACACTCCAGGTCCCATACATC
>HPV47_Beta_333062_nt1821_Genome_Tile_rc|1
ACTCTTATGGCCCCAAAATGGTTAATTGTGCAATCCATTGAGGTAAGGACCGTGGGTGAA
>HPV47_Beta_333062_nt2101_Genome_Tile_rc|1
CAATGCTAGACCACTGTCCTTCTCCCTCTACTTCATGTATCCTTGTATATATCCACTCAG
>HPV47_Beta_333062_nt2281_Genome_Tile_rc|1
TTACAAATGATAATACTCTCCCCCTTAGAACTTTTATTAAGGACATTCCAAACGATGACT
>HPV47_Beta_333062_nt2501_Genome_Tile_rc|1
TAATTGGTCTCTGCATGTACATTAATATTAGATGTAAGTATTAAAGGTGGAAACTTTGTT

>HPV47_Beta_333062_nt2541_Genome_Tile_rc|1
TTTAAATTCAAACCCTTAATTCTACTATGTAGGTATCTATAATTGGTCTCTGCATGTAC
>HPV47_Beta_333062_nt2861_Genome_Tile_rc|1
CAGATATTGCTAATGCAGGCACTGGTTGGTATCCCAACCTATTTATGCCTTTCTGCCTAG
>HPV47_Beta_333062_nt2901_Genome_Tile_rc|1
AACTGCAACACCATATATATAGCCTCTTTGGCCCTTGCCCTCAGATATTGCTAATGCAGGC
>HPV47_Beta_333062_nt2941_Genome_Tile_rc|1
CCAAGGCTCCAAAGCAAACGCTGATTTTTGTAGCGACTCTAACTGCAACACCATATATAT
>HPV47_Beta_333062_nt3161_Genome_Tile_rc|1
TAAATGTTCCATATAGGTAGTAAATGCCAGTTTGATTGACCCCACTTGTTGTCTTATGCC
>HPV47_Beta_333062_nt3181_Genome_Tile_rc|1
AAATAACACATAATAGTGTTTAAATGTTCCATATAGGTAGTAAATGCCAGTTTGATTGAC
>HPV47_Beta_333062_nt3621_Genome_Tile_rc|1
CTACTGGTGGTGCCTGGTAGATCTGGAGGTGGACCTTGACCTGGAACGAGCACGAGTCTTG
>HPV47_Beta_333062_nt3681_Genome_Tile_rc|1
GAGGTGTAGGTGGAGGGTGATCGCGATCTTTGCCTTGTTGGATGACCTCTACCTCCCCTT
>HPV47_Beta_333062_nt4161_Genome_Tile_rc|1
GACCACTCGACTCCTTTTGGATATTTGACAGCATCATCAAATCCCTTCTCTGAGTGAGG
>HPV47_Beta_333062_nt4181_Genome_Tile_rc|1
GGCTATCAAGACTACCATATGACCACTCGACTCCTTTTGGATATTTGACAGCATCATCAA
>HPV47_Beta_333062_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CAGCGTTAATGCTTGTTAAAGGCTATCAAGACTACCATATGACCACTCGACTCCTTTTGG
>HPV47_Beta_333062_nt4261_Genome_Tile_rc|1
CAGTAAAAATAAAAAACGTAAAAAAAAGCTGTGGTTGTTAATAGCAGTTAGTAGCAAAG
>HPV47_Beta_333062_nt4621_Genome_Tile_rc|1
GATGAAGCAGTAGGCTCGACAGGTGCGATTGTGTCAATGGGTAAAAATATCAACTGGTCCA
>HPV47_Beta_333062_nt4641_Genome_Tile_rc|1
ACTCTGTTAATGGGACTAAAGATGAAGCAGTAGGCTCGACAGGTGCGATTGTGTCAATGG
>HPV47_Beta_333062_nt4661_Genome_Tile_rc|1
AAGTAAATCAGCACCAGACGACTCTGTTAATGGGACTAAAGATGAAGCAGTAGGCTCGAC
>HPV47_Beta_333062_nt4741_Genome_Tile_rc|1
GTTGTGGTGACTACAGGGGAGTCGATTGTGCGACCTTCAGGAATAGGATGTATTTCCGGCT
>HPV47_Beta_333062_nt4881_Genome_Tile_rc|1
CAAGAGAACTCTCGCCCTGCGCAGGTGTTGATTTCAGTGAGTATCTGAAAAGAGGGATTAT
>HPV47_Beta_333062_nt4901_Genome_Tile_rc|1
GGTGACCAAAAATATGGTCAGCAAGAGAACTCTCGCCCTGCGCAGGTGTTGATTTCAGTGAG
>HPV47_Beta_333062_nt4941_Genome_Tile_rc|1
CTGTTATATCACCGCCTATCCTTTGTCCACCAGACCCTGAGGTGACCAAAAATATGGTCAG
>HPV47_Beta_333062_nt4961_Genome_Tile_rc|1
CTCAGTAAGTTCAATTTTCGTCTGTTATATCACCGCCTATCCTTTGTCCACCAGACCCTGA
>HPV47_Beta_333062_nt4981_Genome_Tile_rc|1
AATGTATATCTGCTTGGAACCTCAGTAAGTTCAATTTTCGTCTGTTATATCACCGCCTATC
>HPV47_Beta_333062_nt5081_Genome_Tile_rc|1
TCTTCTATTTGTTAATGAGAAGCCCCGTCGCCCTTACTGCAGAGGCTACAGTTTGTAATGG
>HPV47_Beta_333062_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TTACCCTAATATAACCTGCTGGTGTGTAGAAATATTGAGGACGGCCCAATTGTTTAATAT
>HPV47_Beta_333062_nt5421_Genome_Tile_rc|1
AAAGCTGTAGTTCTATTGGATCCTCAGTATTTATAGAACTTAAATCTCTATAAAAGTGTA
>HPV47_Beta_333062_nt5561_Genome_Tile_rc|1
CTCCACAGTCTCATCCAAAAGTAAATCATTAGATGAAGCATCTATTGTTTCAGATAAAGG
>HPV47_Beta_333062_nt5661_Genome_Tile_rc|1
GAACATAATAGGAACCTACTTCTAGTAGTCTCAAATCTGGGAACAGTATATGATGTTGTAC
>HPV47_Beta_333062_nt5681_Genome_Tile_rc|1
ATAATAACCATCTGTGTCTTGAACATAATAGGAACCTACTTCTAGTAGTCTCAAATCTGGG
>HPV47_Beta_333062_nt5701_Genome_Tile_rc|1

CGTGACTCTGGGTAAGCAACATAATAACCATCTGTGTCTTGAACATAATAGGAACTACTT
>HPV47_Beta_333062_nt5721_Genome_Tile_rc|1
AAATAATATCAATAGTGTCCCGTGACTCTGGGTAAGCAACATAATAACCATCTGTGTCTT
>HPV47_Beta_333062_nt5741_Genome_Tile_rc|1
AGGTAATTCAGGTGTAGGGTAAATAATATCAATAGTGTCCCGTGACTCTGGGTAAGCAAC
>HPV47_Beta_333062_nt5761_Genome_Tile_rc|1
TGGGTGTGAATGACAACACTACAGGTAATTCAGGTGTAGGGTAAATAATATCAATAGTGTCC
>HPV47_Beta_333062_nt6941_Genome_Tile_rc|1
TATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATGCTGAAATTTGTATTTCTTGT
>HPV47_Beta_333062_nt6961_Genome_Tile_rc|1
TTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCTGCCTGAGAGTAAACAGAGATG
>HPV47_Beta_333062_nt6981_Genome_Tile_rc|1
GTCTTTGATACTCTCTAAATTTGTCTGCATTATAATCCTGTATATCCTTTATGTCCCCTG
>HPV47_Beta_333062_nt7161_Genome_Tile_rc|1
TGGCCAAAGATTCTAGATATCTATATGTATCCTGAATAGGGTTGTCTGGAGTAGGCACAA
>HPV47_Beta_333062_nt7181_Genome_Tile_rc|1
AGACTTTTCAGGACACCTAGTGGCCAAAGATTCTAGATATCTATATGTATCCTGAATAGG
>HPV47_Beta_333062_nt7221_Genome_Tile_rc|1
AGTTTAAACCTTTGTAGGGGTCAACCTTCTCTTTTGGAGGAGACTTTTCAGGACACCTAG
>HPV47_Beta_333062_nt7621_Genome_Tile_rc|1
TGATCGCCAAAAACGATAACAAGATTAAATTTCTTTTGGCAGAAGACCTAATCCGAGCGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CGTCTGTGTCTGAAACATATTTCTTGCCTGTAGGTGGACACTGGTGTGCTTTATATAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt0261_Genome_Tile_rc|1
AACTTTTGATAACAGTCTTAGGCATTGCTTACATACCCCATACGGATTCCCACATCTGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TTAAAATATCTATATTCATAACTTTTGATAACAGTCTTAGGCATTGCTTACATACCCCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt0341_Genome_Tile_rc|1
GTAATTTTCATTTAATGGTTTATGCACAATTTCTTCTAAAGTATTTCCATATACTGAATAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt0361_Genome_Tile_rc|1
GACATGTTATACATCGTATTGTAATTTCAATTAATGGTTTATGCACAATTTCTTCTAAAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt0501_Genome_Tile_rc|1
CTTCAAATATTATACCTGGGTCTGCGTTCGTTGAGGTCTCCAACACACTGAACACCGTCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt0521_Genome_Tile_rc|1
AGCTTTGTCTCCACGCATGGCTTCAAATATTATACCTGGGTCTGCGTTCGTTGAGGTCTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt0701_Genome_Tile_rc|1
AGTGCCTCACAGATGTTACACACAGTAACAATATGGTAATTGGTTGTATCTGGTTTTGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt0721_Genome_Tile_rc|1
CTGTGAATGCACAAACGCAAAGTGCACTCACAGATGTTACACACAGTAACAATATGGTAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt0781_Genome_Tile_rc|1
CACACTATTCCTAGTGTGTTTATAAGCATCTGCTGGATTGTTCCGACGTCTGCTGCTGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt0981_Genome_Tile_rc|1
TATGTGTATCATCTATAAAGCCAATTAAATCACTACCAGTGTGAGATGCATCCTCATCCT
>HPV67_Alpha_3228267_nt1141_Genome_Tile_rc|1
GCTGTACATGCTTGGTTTTCTATACCATTACTATTACCACCACATGCCTGTATGCCTGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt1161_Genome_Tile_rc|1
CGTATGCTCTGCGTTTTGCGGCTGTACATGCTTGGTTTTCTATACCATTACTATTACCAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt1181_Genome_Tile_rc|1
ATATCCGCTGTCTTCTATGTCGTATGCTCTGCGTTTTGCGGCTGTACATGCTTGGTTTTTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt1321_Genome_Tile_rc|1
CTACTATTACTTTCCGATTGCATATCTACACTGTTTCCCGTACTACTTGCCCCCGTACTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt1361_Genome_Tile_rc|1
AATATTTTCCACAGTTTGCAATGGCATGCTTTGTTCCCTGACTACTATTACTTTCCGATTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt1381_Genome_Tile_rc|1
TTTATATTATTACATGCATAATATTTTCCACAGTTTGCAATGGCATGCTTTGTTCCCTGA

>HPV67_Alpha_3228267_nt1401_Genome_Tile_rc|1
ATTTATGCATTAACGTTGCCTTTATATTATTTACATGCATAATATTTCCACAGTTTGCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CTTATTAGCTGTGTAAACGTTACCCCATATGCTTCCTTAAATTTATGCATTAACGTTGCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TCCTGTCACTTTTAAATGGTCTTATTAGCTGTGTAAACGTTACCCCATATGCTTCCTTAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt1561_Genome_Tile_rc|1
AAATGTGTGTACAACGTTTGTGGCTTGATTAACACCTTTAACTTTCTGCTACTGATGGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt2481_Genome_Tile_rc|1
CTACATCTATGTTGGAAGTTAATAGTAATGGTGGACATTTTAGCTGTACTAACGCTTTAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt2501_Genome_Tile_rc|1
CGGCCATCTTGAATCTGTTGCTACATCTATGTTGGAAGTTAATAGTAATGGTGGACATTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt2521_Genome_Tile_rc|1
ACTACTCTACTATGTAAAAACGGCCATCTTGAATCTGTTGCTACATCTATGTTGGAAGTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt2541_Genome_Tile_rc|1
GATTGTAAATCTAAACACTACTACTCTACTATGTAAAAACGGCCATCTTGAATCTGTTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt2781_Genome_Tile_rc|1
ACATTCAATGCGTCTCAGTCTCCAATGTTCAATTTGTGTACATAAGTCTTTTTTATTAGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt2821_Genome_Tile_rc|1
TCCGTGCCAGTCCCAGTTCCTTTAGCTTTATAATACAAAGCACATTCAATGCGTCTCAGTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt2981_Genome_Tile_rc|1
TTTGGTTACATAACCATAGTTCTAGGCTGGTACTTTGCAATGTCCATTCATCATTACTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3001_Genome_Tile_rc|1
CTTTTTTTTTTTAAACATTTTTTTTGGTTTACATAACCATAGTTCTAGGCTGGTACTTTGCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3041_Genome_Tile_rc|1
TTTTCTTTATCATTATCGTATTGCACTGTTACAGTCTCTCCTTTTTTTTTTTAAACATTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3081_Genome_Tile_rc|1
TACTATATATATTTTCATTCCAACCTGTATATTTCCATTGTATTTTCTTTATCATTATCGTA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3121_Genome_Tile_rc|1
AGTCCACCTTTCCCCTACTACTGTCCACACAGAGTCCTTTACTATATATATTTTCATTCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TATATAATATAGTCCCATATAGTCCACCTTTCCCCTACTACTGTCCACACAGAGTCCTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TTTTGAATACTTTTTTAGCATCGGTTTCAAACCTTTACATAATACGTTTTTTCTGTTTCATA
>HPV67_Alpha_3228267_nt3321_Genome_Tile_rc|1
ATACGTTTCTGTGGCGTGTGGTATCCGGGCAGCAACCTCAGTAGTGGATATTTTCGTTACT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3441_Genome_Tile_rc|1
CCGTTGTCTGCACAATAGCTTTGTGGGGTGCTGGGAGTTGTTGCAGAAAGTCTGGGACGTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt3461_Genome_Tile_rc|1
ACCGATGTACAGTCCACGACCGTTGTCTGCACAATAGCTTTGTGGGGTGCTGGGAGTTG
>HPV67_Alpha_3228267_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TGGCTTGTGTGTAATGTAGTAATATACAATATATTACAATGACATTATACCACAAACAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3861_Genome_Tile_rc|1
AAATACAAAAATGGCCAGCATTGTATAGTATACCTATATATACAACCTAGCAGCACATAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt3881_Genome_Tile_rc|1
CACAAACAGCAACACAAATGCAAATACAAAAATGGCCAGCATTGTATAGTATACCTATATA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4021_Genome_Tile_rc|1
TAGGTAGGTACAAAAATATAAGATATGCCAAAAATACCCGTAAGGGGGAACCTATAAAAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATGTAAATGAATACACATCATAGGTAGGTACAAAAATATAAGATATGCCAAAAATACCCG
>HPV67_Alpha_3228267_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TAGGAAACAATATACTGTGCATGTAAATGAATACACATCATAGGTAGGTACAAAAATATA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4081_Genome_Tile_rc|1
ACATACAGTATACAAAGTATTAGGAAACAATATACTGTGCATGTAAATGAATACACATCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4141_Genome_Tile_rc|1

TAAATATAAAAAGTATGCCATTGTACCACACTGTGCACAAAACAATAAATATGTACAAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4181_Genome_Tile_rc|1
CATTGTACACACTAGTAAAAATAAAAAAATGGTTTATTAGTAAATATAAAAAGTATGCCA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4421_Genome_Tile_rc|1
TGCAGTGGGAGGCCGTGTAGATAAGGGGACATAACCTGTTCTACCACCCGTACCAGACCC
>HPV67_Alpha_3228267_nt4441_Genome_Tile_rc|1
ATTGTAGATGTAGGCGCAGATGCAGTGGGAGGCCGTGTAGATAAGGGGACATAACCTGTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4481_Genome_Tile_rc|1
GTCTAGGGGGCCCTACAGTATCAACAGATACAGGGGGTCGTATTGTAGATGTAGGCGCAGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4701_Genome_Tile_rc|1
AAGATGAAAAATGGGCGGAGTACTGAAGGTTCTGTAAAAGTGGGATTTAAATGGGTGGTAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt4721_Genome_Tile_rc|1
TAAATGACCAGAGGCTTCAGAAGATGAAAAATGGGCGGAGTACTGAAGGTTCTGTAAAAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4741_Genome_Tile_rc|1
ATAGTGGGTGTAGAAAATATTAAATGACCAGAGGCTTCAGAAGATGAAAAATGGGCGGAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GGGCGCAGGCCCTAGGAATAGGGGTGCTACTAGTTACATTGTCAGTAGTAGAAACAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt4981_Genome_Tile_rc|1
AAGTAAAGTGTTTCATCAGGTTCTGTAGGTTGAAATGCAGGATTATCAAATGTAATTAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5021_Genome_Tile_rc|1
AAAGTCAGGGTCAGGTGCAGGTGAAATGTCTTGGTGTTGAAAGTAAAGTGTTTCATCAGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TGGCTGTAGTTCTATGGAGTCAGCAGGTACTATAGGACTTAAATCCTGATAATAATGCAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt5221_Genome_Tile_rc|1
GAAGACACAGGGCGAGATAATGGCTGTAGTTCTATGGAGTCAGCAGGTACTATAGGACTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5241_Genome_Tile_rc|1
CATTAATAGAATGGGAAGCAGAAGACACAGGGCGAGATAATGGCTGTAGTTCTATGGAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AGGATATTGATGGCTGTGGAAAGGGTGTGTCAGGATCCATATATACATCATATAAACCAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5321_Genome_Tile_rc|1
CTGAGGACTATGTAATGAATAGGATATTGATGGCTGTGGAAAGGGTGTGTCAGGATCCAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5341_Genome_Tile_rc|1
GGGACAGTAACATTGGTGGTCTGAGGACTATGTAATGAATAGGATATTGATGGCTGTGGA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5361_Genome_Tile_rc|1
AATCAAAACCACTACTTAAGGGGACAGTAACATTGGTGGTCTGAGGACTATGTAATGAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TACAGTAGAGGAAAATGGAATAACAAACCCTACTTAAGGGGACAGTAACATTGGTGGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GGGCTACAGGGGACACAATATCGGGACCTGGCTGTAATGGTACAGTAGAGGAAAATGGAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5481_Genome_Tile_rc|1
AAACAAGTACATTGTTAAAGGGAGATGTAGGTATAACAGGTACAAAAGGAGTGTATGTAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TAAATAAAAATCACTACCATAAACAAGTACATTGTTAAAGGGAGATGTAGGTATAACAGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt5741_Genome_Tile_rc|1
AACACCTTTTGTAGTGTGGAGGGATTAGGAATGGAAAAGTAAGGATGGCCTACAGCTAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt5981_Genome_Tile_rc|1
GTACCAGGCTGGCTAGGGTATTTATTATTGTTTCAGTATCATCAAACCTATTAAAGTAAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6001_Genome_Tile_rc|1
ACAAGCATTCCTATTATCAGTACCAGGCTGGCTAGGGTATTTATTATTGTTTCAGTAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6121_Genome_Tile_rc|1
AAGGGGGACAGGCACCTGGCCCATTACTGTTACCACTACACGGGGTACCTTTACCCAGT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6381_Genome_Tile_rc|1
ATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTTACCTGCTCTGTTAAACAAATGCCTAACAAACAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt6401_Genome_Tile_rc|1
GCAGATCCCTTAAAATACAAATCTGTAGGTACATCCTCCCCTAATTTACCTGCTCTGTTA

>HPV67_Alpha_3228267_nt6441_Genome_Tile_rc|1
AGTAGGAAAAAAGCTGAGGTTTGCAGTGCAGAAAGTGTTCAGATCCCTTAAAATACAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt6621_Genome_Tile_rc|1
GTATGTAGCCTCTGATTTTTCTCAGAACATAAAGTCATGTTGGTACTACGTGTAGTGTC
>HPV67_Alpha_3228267_nt6741_Genome_Tile_rc|1
ATTCATGGTGTGTATGTATTGCATAACATTTGCAGTAAGGGATATTTTGCACAGCTGAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7021_Genome_Tile_rc|1
AGGAAGAAGAAGGTGAAGAACGTTTTAGTTTAGGTTTAGCTGTAAACCTGCCTGCAATA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7101_Genome_Tile_rc|1
AATCATACATACAAACAATACAAACACACAACAGTCATACAATTACCTTTTAACCTTTTT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7121_Genome_Tile_rc|1
ACACATTACACAAACATACAAATCATACATACAAACAATACAAACACACAACAGTCATAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7161_Genome_Tile_rc|1
GGAAATTGACAGACACAGGGAACATGCATACACATAACATACACATTACACAAACATACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7281_Genome_Tile_rc|1
CAGGGATAGGCAAGGCATGGCATGGGCAGGGATATAGGGACAGTACCTTACTCATTGGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt7301_Genome_Tile_rc|1
GTATGCTACATATAATTATACAGGGATAGGCAAGGGCATGGCATGGGCAGGGATATAGGG
>HPV67_Alpha_3228267_nt7321_Genome_Tile_rc|1
TAATAAATATACCAAACACAGTATGCTACATATAATTATACAGGGATAGGCAAGGGCATG
>HPV67_Alpha_3228267_nt7341_Genome_Tile_rc|1
TGTAATGTTATAAGTAAAAGTAATAAATATACCAAACACAGTATGCTACATATAATTATA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7361_Genome_Tile_rc|1
TAGTAACCCAAAATGGAGACTGTAATGTTATAAGTAAAAGTAATAAATATACCAAACACA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7381_Genome_Tile_rc|1
GTTACAGATATAAAATGGAGTAGTAACCCAAAATGGAGACTGTAATGTTATAAGTAAAAG
>HPV67_Alpha_3228267_nt7481_Genome_Tile_rc|1
AACAGCAAGTAAAGGCATTGCACTGCAGGAAGACAAAGATTAACAATGTTGGCAAGAAAC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7501_Genome_Tile_rc|1
GTCAATTTAGGCGGGAGAGCAACAGCAAGTAAAGGCATTGCACTGCAGGAAGACAAAGAT
>HPV67_Alpha_3228267_nt7541_Genome_Tile_rc|1
TAAACATGTAAAAGGGCGTGTGCACTGCAATACCATGAGTCAATTTAGGCGGGAGAGC
>HPV67_Alpha_3228267_nt7621_Genome_Tile_rc|1
CCCAATAAAATAGTGCTGTGCAAGCCAAAAGTGAATTAAGCAATAAAAACATGGTAAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7641_Genome_Tile_rc|1
GCTTACAATAGTAACATAAACCCAATAAAATAGTGCTGTGCAAGCCAAAAGTGAATTAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7681_Genome_Tile_rc|1
TGTGAGTAAGGGTTTGAATCATTTTTACAAGGTGTATGTTGGCTTACAATAGTAACATAAA
>HPV67_Alpha_3228267_nt7721_Genome_Tile_rc|1
GGTTGGAACATGTTAACCCAAACCGGTGCATACACACCTGTGTGAGTAAGGGTTTGAATC
>HPV70_Alpha_1173493_nt0061_Genome_Tile_rc|1
GGAAATCGCGCCATTCCGTATGGGCAAGCAACTTTTGCATGGTTTTATATACACCGTTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1201_Genome_Tile_rc|1
TACCCTTTGTTCCCTATGTACGCCTGGCGGTTTTGCACAAGGACTTTTATTTAGATTGCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1221_Genome_Tile_rc|1
ACCGGGAGCTCTTGTAGTGTTACCTTTGTTCCCTATGTACGCCTGGCGGTTTTGCACAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt1241_Genome_Tile_rc|1
CCTGTTTATTGCATATGTTTACCGGGAGCTCTTGTAGTGTTACCTTTGTTCCCTATGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt1281_Genome_Tile_rc|1
CCATAGCCGCTGTCTGGTACTGAATACAGTTTGTTCTTGCCTGTTTATTGCATATGTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1461_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTAGCTGTGCAGTAGGTGACTGTGGATCTTGATTCTCACTATCAATAGCACTGTCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1481_Genome_Tile_rc|1
GGTTATTAGCCTGTAATACTGTTTTTAGCTGTGCAGTAGGTGACTGTGGATCTTGATTCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1501_Genome_Tile_rc|1

TGATAGTAGTATGGCTTTTTGGTTATTAGCCTGTAATACTGTTTTAGCTGTGCAGTAGG
>HPV70_Alpha_1173493_nt1521_Genome_Tile_rc|1
CCATATGTGTGTTTAAATTGTGATAGTAGTATGGCTTTTTGGTTATTAGCCTGTAATACT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1541_Genome_Tile_rc|1
CCAGGTCGTTAAATGCTAATCCATATGTGTGTTTAAATTGTGATAGTAGTATGGCTTTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1701_Genome_Tile_rc|1
AGTATATACACTCCATATTTGGTATCCAAACACTGTATATGTGTATATAACGCATATGGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt1721_Genome_Tile_rc|1
ATTTATATCTAATTAATAGTAGTATATACACTCCATATTTGGTATCCAAACACTGTATAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt1781_Genome_Tile_rc|1
TTTCTGGCACATGTAATAATTTACTTAATCCTTTGCCTACTGTTATCCTGTTTTTCCAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt2221_Genome_Tile_rc|1
TTGATACCTTAGAAATTGCACTATTGGTCGCCAGTCGCCCCCATCGTCACATTTATCACA
>HPV70_Alpha_1173493_nt3161_Genome_Tile_rc|1
ATAATGCATAGAATTGTCCTTGTTCATCGTACCACACCTCCACTGTAACACCTTTTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3301_Genome_Tile_rc|1
ATTTGTGCATCCTGCCTAAACACTTCATAATATGTCTTATGCTGCTCGTGCACATAATAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3441_Genome_Tile_rc|1
TATGGGCCGGGGTGGTGTGTGTAGTTCTGCAGTAAGCTCAGTAGTGGGTACTGTGTCGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3521_Genome_Tile_rc|1
TGTTTCTGAGGGTCTGGGAGACTCCACACTTGCAAGACGGCGCGACTTAGTTTTTTTTGGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3541_Genome_Tile_rc|1
AGGTCCACGAACACTCCGTCTGTTTCTGAGGGTCTGGGAGACTCCACACTTGCAAGACGGC
>HPV70_Alpha_1173493_nt3581_Genome_Tile_rc|1
ACACTGGTGCCGTCGTTTGTGTCAGCCTTTACTTGTAACAAGGTCCACGAACACTCCGTC
>HPV70_Alpha_1173493_nt3681_Genome_Tile_rc|1
TATTTTCATACAATGAATTAAATTTTCGCAATCGATACCTAAGACACTTTAAACCATTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3761_Genome_Tile_rc|1
TGCTTCAGTAGTATATGTTACAGTTAGTATACCTGTATGTTTACTTCCCTTGCCCCCTAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3841_Genome_Tile_rc|1
TGCTGTTACAATGTCATATATCCCACAGATACATGTACACTAGGTGGAATTCTAACAGTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TACAATATACATACAGCATGTGCTGTTACAATGTCATATATCCCACAGATACATGTACAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AAAACATTTGCAATGGTGTGGTATGTACAACAATAAACACAAATAAAAGTAGCCACATAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt4081_Genome_Tile_rc|1
CATATACTGAAAGGATGTGTAAAAACCACATAGGCAATATAAAAAATAGTAAATATATAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt4101_Genome_Tile_rc|1
ATGCAGCAACACAACCTTAAGCATATACTGAAAGGATGTGTAAAAACCACATAGGCAATAT
>HPV70_Alpha_1173493_nt4121_Genome_Tile_rc|1
CAAGTAATGTACAATACACTATGCAGCAACACAACCTTAAGCATATACTGAAAGGATGTGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt4521_Genome_Tile_rc|1
GCCTGTAAAAGTAGGGATGGGTGTACCAGAGGAAACAACACTAGATTCTCTACCAACTG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5181_Genome_Tile_rc|1
ATCTGTAGATTCAGAGGTAAGTAAAGGTGTCATCTCAATGTCTTCTGTTGCAGTAATGTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5221_Genome_Tile_rc|1
CATTATCTATATCTGCATCTGCATATATATCATATAAACCATCTGTAGATTCAGAGGTAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt5261_Genome_Tile_rc|1
GGTCCTGTAGAACCCTGTATGAGAAGTAGTATGTAACATTGCATTATCTATATCTGCATCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5281_Genome_Tile_rc|1
GAAATGAAAGATGGGACCTAGGTCCTGTAGAACCCTGTATGAGAAGTAGTATGTAACATTG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5301_Genome_Tile_rc|1
CACTGTAGAAGGTATAGAAGGAAATGAAAGATGGGACCTAGGTCTGTAGAACCCTGTATG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GTATTACTATATTTTGTAGACACTGTAGAAGGTATAGAAGGAAATGAAAGATGGGACCTA

>HPV70_Alpha_1173493_nt5341_Genome_Tile_rc|1
AAGTAGTAAATGGAATGGTTGTATTACTATATTTTGTAGACACTGTAGAAGGTATAGAAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5361_Genome_Tile_rc|1
GGTTACAGGTATGTCCCAAGAAGTAGTAAATGGAATGGTTGTATTACTATATTTTGTAGA
>HPV70_Alpha_1173493_nt5381_Genome_Tile_rc|1
AAACTATGTCAGGGCCAGTGGTTACAGGTATGTCCCAAGAAGTAGTAAATGGAATGGTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt5401_Genome_Tile_rc|1
AATTGGGGGATGCAGTAGGTAAACTATGTCAGGGCCAGTGGTTACAGGTATGTCCCAAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt5421_Genome_Tile_rc|1
TGTAGGAGGGACAAAGGGCAAATTGGGGGATGCAGTAGGTAAACTATGTCAGGGCCAGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt6381_Genome_Tile_rc|1
GGACGCTCACGTATATCCGTGCCTTTAATATATAACTCTGAAGGTATTGTGTCGCCCACC
>HPV70_Alpha_1173493_nt6401_Genome_Tile_rc|1
GGGAATATACATGAGTACCAGGACGCTCACGTATATCCGTGCCTTTAATATATAACTCTG
>HPV70_Alpha_1173493_nt6801_Genome_Tile_rc|1
GCTGCTGATTGTAAATACCTATACGTGTCCACCAAGCTTGCAGATGGTGGAGGGGTAAC
>HPV70_Alpha_1173493_nt7001_Genome_Tile_rc|1
ACGATTTAGCTGACGCAGGGCGTTTGCGAGGGCCTATAGTAGGACGTCTGCGAGCCCCTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7021_Genome_Tile_rc|1
GTGTTTAGAGGCTGAGGAAGACGATTTAGCTGACGCAGGGCGTTTGCGAGGGCCTATAGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7081_Genome_Tile_rc|1
ATAGTACAATAATACACAGCATACAACATACATACATTACTTGGACACACGTTTCCGTTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7141_Genome_Tile_rc|1
CATACAAACACAAATATGTAAACAGTGTGCAAGCATACAACATAAAAAACACAAATATGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7181_Genome_Tile_rc|1
ACCAGGACAAACATATACAGTACAGTGTGCAAGCATACAACATACAAACACAAATATGTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7201_Genome_Tile_rc|1
ACATACAACCACAAATATGTACCAGGACAAACATATACAGTACAGTGTGCAAGCATACAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7221_Genome_Tile_rc|1
ACATAGCACGCAACATATACACATACAACCACAAATATGTACCAGGACAAACATATACAG
>HPV70_Alpha_1173493_nt7441_Genome_Tile_rc|1
TATACAGGTAACCCACTATAAAATATAAATGTATAAACTACAAATGGTATACACACACCT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7461_Genome_Tile_rc|1
ACACAAAATGGCCGTTGCTGTATACAGGTAACCCACTATAAAATATAAATGTATAAACTA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7541_Genome_Tile_rc|1
ACAGGACATGTTTTTGCTGATACAAAAGGTTTATAAGGGTAACTGATGGTACAAAGCCAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7561_Genome_Tile_rc|1
TATGTAGGTGAACCTTAGGTTACAGGACATGTTTTTGCTGATACAAAAGGTTTATAAGGGT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7601_Genome_Tile_rc|1
TAAGTGTAGGTGCGCCACTAAACTGTAGTAGTGCCAAGTATGTAGGTGAACCTTAGGTT
>HPV70_Alpha_1173493_nt7681_Genome_Tile_rc|1
TAAAAGCACTTTATTAGACAGGGTGGAGGTGCATAAGGTTGCCAAAGCATTTGTTGTAGTG
>HPV70_Alpha_1173493_nt7761_Genome_Tile_rc|1
ACGACACATTCTTGGATGTAAAAGCTGTTATACAGGCCAACTATGCTCTTAGGTAAGTAA
>HPV70_Alpha_1173493_nt7801_Genome_Tile_rc|1
GTCTGTAAAAATATTAGTCACAAAATATAACTTGCACCAAACGACACATTCTTGGATGTA
>HPV8_Beta_333074_nt0001_Genome_Tile_rc|1
AACAACCTTATGATTAAGAAATTTTCATACCGCACCTGGTACACTGATGAACTTACCGTT
>HPV8_Beta_333074_nt0021_Genome_Tile_rc|1
AGACGATGGTTGTTGGCAATAACAACCTTATGATTAAGAAATTTTCATACCGCACCTGGTA
>HPV8_Beta_333074_nt0121_Genome_Tile_rc|1
GCACAAGTCACAGCATTGTAACAATATATATATATATTTATTTATTTATTTAATATACAA
>HPV8_Beta_333074_nt0141_Genome_Tile_rc|1
TCCATTTGCTTAGGAAAATTGCACAAGTCACAGCATTGTAACAATATATATATATATTTA
>HPV8_Beta_333074_nt0161_Genome_Tile_rc|1

ATGAAGCCTTGTCTGCCCGTCCATTTGCTTAGGAAAATTGCACAAGTCACAGCATTGTA
>HPV8_Beta_333074_nt0181_Genome_Tile_rc|1
GTCCTTATTAGTGTCTAAATATGAAGCCTTGTCTGCCCGTCCATTTGCTTAGGAAAATT
>HPV8_Beta_333074_nt0241_Genome_Tile_rc|1
ACAGTCCTGCAATGGAATACCTAAAGCCGCAGCTAACTCTTTAATAGTAGAGGGTAGCTC
>HPV8_Beta_333074_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AGAAATCCAAAAAGTTACCACAAAAGTTGCACGGTACTGAACAGTCCTGCAATGGAATAC
>HPV8_Beta_333074_nt0321_Genome_Tile_rc|1
ATTAGGCACAGTCTCTTTTTGTCAAACCTCACACAGTTCTAAGAAATCCAAAAAGTTACCA
>HPV8_Beta_333074_nt0381_Genome_Tile_rc|1
AACGTTGCGGTTGCTACACAACAACAACGACAACACGCAGTAACAACGTAATTTTTCCAA
>HPV8_Beta_333074_nt0501_Genome_Tile_rc|1
ATGATATCCAAAAATGACAAGCAGTTTGTGACACCTAACGTCTATCTCAAAAAATTGAACGT
>HPV8_Beta_333074_nt0841_Genome_Tile_rc|1
AGCAATTCTTGAAAGGTCCTGATACCCGAATCAGTTGCGTTGACAAAAAGACGTAGCTTG
>HPV8_Beta_333074_nt0861_Genome_Tile_rc|1
GAAGCTGTAGGTCTCTGAACAGCAATTCTTGAAAGGTCCTGATACCCGAATCAGTTGCGT
>HPV8_Beta_333074_nt1921_Genome_Tile_rc|1
CAGCATTAGCATCTTCTGGGGCTAGTTTTGCATATCCATAAGCAATGTTCGGCCTCCTCAA
>HPV8_Beta_333074_nt2081_Genome_Tile_rc|1
ACTATGGAAGACCAATGCCCTCTCCTTCAACCTCATTGATCCTTGTATATATCCACTCA
>HPV8_Beta_333074_nt2181_Genome_Tile_rc|1
ATAGATTAACAAACAGTTTCGCTTAGGTACGGAATGCAAAAAATCTTTTAAGGCAGCTAA
>HPV8_Beta_333074_nt2481_Genome_Tile_rc|1
ATAGTTAGCCTCCTCATGCAGGTTAATATTGGAAGTTAACAAAAGGGGAGGAAATTTAAT
>HPV8_Beta_333074_nt3101_Genome_Tile_rc|1
CCCCACTGGTGGTTTTGTGCCACTTATCGTCTGCATCAGTGTAGTAAATGTGCTTCCACA
>HPV8_Beta_333074_nt3441_Genome_Tile_rc|1
CTTGATCGCCTCTGCTCTTTTTGCGGTCTTGTTCTGCTGGACGGCCGTCTCCCGTACCTT
>HPV8_Beta_333074_nt4201_Genome_Tile_rc|1
TATAGTAAAAAGCAAATGGGAATATGTTAGTGTGTTAGTAGCAAGGCAGCGTTAGTAATG
>HPV8_Beta_333074_nt4221_Genome_Tile_rc|1
AGCAGTATACAATTAATAAATATAGTAAAAAGCAAATGGGAATATGTTAGTGTGTTAGTA
>HPV8_Beta_333074_nt4241_Genome_Tile_rc|1
ACCCGTCTAGCACGCGCCATAGCAGTATACAATTAATAAATATAGTAAAAAGCAAATGGG
>HPV8_Beta_333074_nt4561_Genome_Tile_rc|1
CTGAAGGCTCTACAGGGTCAATAGTGTGCGATTGGCAGTATGTCCATAGGACCTACCGCTT
>HPV8_Beta_333074_nt4581_Genome_Tile_rc|1
GAGTGGCACCACAGAGGAGACTGAAGGCTCTACAGGGTCAATAGTGTGCGATTGGCAGTAT
>HPV8_Beta_333074_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TCGGCTCCTGAAGATTCAGTGAGTGGCACCACAGAGGAGACTGAAGGCTCTACAGGGTCA
>HPV8_Beta_333074_nt4761_Genome_Tile_rc|1
TGTACGTGAAACTCTGACACGGGTAGGAGGGGTTGGCTCAGGAGCCACCTCTAAAATGGC
>HPV8_Beta_333074_nt4841_Genome_Tile_rc|1
AAAATGTGGTCTGCTAGAGAACTTTCTCCTTGTGTAGGTGTGGAATCAGTTATGATTTGA
>HPV8_Beta_333074_nt4921_Genome_Tile_rc|1
ACCTACTAGGAAATCTTGACAGTTCTATGACATCTGTTATGTCACTACCTATAGTCTGGC
>HPV8_Beta_333074_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TTCATCAATCTCAAATGAATACCTACTAGGAAATCTTGACAGTTCTATGACATCTGTTAT
>HPV8_Beta_333074_nt5001_Genome_Tile_rc|1
ACGTCTACCAACTACTTGAGGTCTCTCAATAGGTGTGCTACTTTGCCGTGGTGGTGTAGG
>HPV8_Beta_333074_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TTTGTATAAGAAATACCTCTACGTCTACCAACTACTTGAGGTCTCTCAATAGGTGTGCTA
>HPV8_Beta_333074_nt5101_Genome_Tile_rc|1
CAAACTGAACCTTACTAATTTGGAAGGTTTTGATAAAAACAAAGGATCCTCAACAGCCA

>HPV8_Beta_333074_nt5161_Genome_Tile_rc|1
CGACCATGTCCACATCTTGCTCAAATATATTAGTGACCTCCTCTTCAAATACAGGATTAT
>HPV8_Beta_333074_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GAATGTTGACCTAATAGTTGGAGTTCTATAGGATCTTCTGTATTGATTGAACTTAAATCC
>HPV8_Beta_333074_nt5481_Genome_Tile_rc|1
ATCTGAAAATGCCTGAATACTTTTCAGATAAAGGATTTTCAGAAATATCAACATTTACAAA
>HPV8_Beta_333074_nt5701_Genome_Tile_rc|1
GGATTATTACCACCGGAAGATCAGGTGTAGGGTAAATTATTTCCCTCATTATTGCGACTTT
>HPV8_Beta_333074_nt5721_Genome_Tile_rc|1
ACCACTGTTATCATGTGTGTGGATTATTACCACCGGAAGATCAGGTGTAGGGTAAATTAT
>HPV8_Beta_333074_nt7341_Genome_Tile_rc|1
ACAATCTAATTTTTCCGTTTTTCGTTTTGTGCCCTGACGGAGCCCCCTAGATATAGATTTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TAACTCAATACATGCAAACCTATATAGCTCTAACTTGTAAGTTCCTTTTTGCAGTATAC
>HPV66_Alpha_1020290_nt0221_Genome_Tile_rc|1
TTGTTTCTATATACTAGTTTTAACTCAATACATGCAAACCTATATAGCTCTAACTTGTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TAAGTGTATTGTCTATAAATCCATCTACATCTGTATCTGTTTCATTCTCCTCCTCGCTTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt1261_Genome_Tile_rc|1
CCCGCACCCATTTCCCTTTTTCGTATTCTACCTGTTGTGATGTTTCCAATGTTTCCAATGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt1361_Genome_Tile_rc|1
GCAATTGGTGTGTTGGTGTTCATATTTGTATCTATATCCATATTTGATACCGAGTGCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt3141_Genome_Tile_rc|1
ATATGCCTCTGTAATCCACCCCTGATGACACTTTACACCACCCACACTCTCCATTATAAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt3501_Genome_Tile_rc|1
GTGGACTTCTACTGTTGGCGTTGTTACTGATGTCTGTGTCTGTTGTGACACAGTGTGCGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt3521_Genome_Tile_rc|1
GTGGCTTTGTGTGTTGATACGTGGACTTCTACTGTTGGCGTTGTTACTGATGTCTGTGTC
>HPV66_Alpha_1020290_nt3941_Genome_Tile_rc|1
ATGGCGATTACACGTTACCTTTCCAGTGTTACAATAACACATAATATACCAAATACAAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt4081_Genome_Tile_rc|1
CCAAAATAAAATAATTAGTATAAGACAACCTTGTAATAAAGATGCAGATAGCAAAAGCGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AATGATGTAGCCACAACAACCAAAATAAAATAATTAGTATAAGACAACCTTGTAATAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ACAGTATAAAAAGTATCAAAAAATGATGTAGCCACAACAACCAAAATAAAATAATTAGTA
>HPV66_Alpha_1020290_nt4141_Genome_Tile_rc|1
TATATAAAAAAATAGTAAAAACAGTATAAAAAGTATCAAAAAATGATGTAGCCACAACAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CAATATATACACAGTGTAGGTATATAAAAAAATAGTAAAAACAGTATAAAAAGTATCAAAA
>HPV66_Alpha_1020290_nt4721_Genome_Tile_rc|1
GCCTCAATTACTGGAGGATCAATATATAGTGGGTTTGTATAGTAGTACTACTTACATGT
>HPV66_Alpha_1020290_nt4941_Genome_Tile_rc|1
GTCCAAAAATGCTGGGTCAGTGACCCTAACCTGCTGAAAAGCCCTACTATATAACCTGGG
>HPV66_Alpha_1020290_nt5761_Genome_Tile_rc|1
TTTGGTACCAGATTTGGAAACAGAGTAATAAGGATGGCCAACAGCAACCTAGAGCT
>HPV66_Alpha_1020290_nt6121_Genome_Tile_rc|1
TGGTGTAGACTTACACACCGCGCCCTTAGTCCAATGTTCCCTAATGCTGGTGCACATCC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6181_Genome_Tile_rc|1
GTCACCGTCTCTATCGGGGTATTAATACTAATGCAAGAGGTGGACAATCCCCTGTATTACC
>HPV66_Alpha_1020290_nt6441_Genome_Tile_rc|1
GGAGGGTCCCTGCCATTGCCACCCTTCCAATACAAATCTGTAGGAATGGCTTCCCCAACA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6801_Genome_Tile_rc|1
GATAAGCCAATATTCGAATCGTCTAATAAAGTATTATTTCATATTATGCAAAATATGCCATA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6821_Genome_Tile_rc|1

AGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCAATATTTCCAATCGTCTAATAAAGTATTATTCA
>HPV66_Alpha_1020290_nt6841_Genome_Tile_rc|1
ATACCTATATTTATCCTCTAAGCTAGTTGCAACTGGTGGGGATAAGCCAATATTTCCAATC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7041_Genome_Tile_rc|1
TTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGTCTAGGGCCTAGTTGCATTAAAAAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7061_Genome_Tile_rc|1
AGGTAGGAGCCGCCCGCCTTTTAGAGGCAGATACACTAGCCTTGGGTCTAGGGGTCTAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7081_Genome_Tile_rc|1
AGCTGGTGAAGAAGAGGAAGAGGTAGGAGCCGCCCGCCTTTTAGAGGCAGATACACTAGC
>HPV66_Alpha_1020290_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TACAAGCACAAACCATAACAATACATAACAACACACAACACAACTATCGTTTTTTACGTTT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7201_Genome_Tile_rc|1
ATACATACACATAGCACATACACAATTATAAAATACATAAACATACACAAAAACATACAG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7341_Genome_Tile_rc|1
ACATTAAACAGTAAGGAACACCACCTAACCTGACACACACTGCCCAAGGATACTACCGCA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7401_Genome_Tile_rc|1
CAGCACTAAATGGAGTTTGGTGTGTACTATAGTGCATACAAACAACCTATTTAATATA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7661_Genome_Tile_rc|1
GGGCTACACGCCAACAAAATATATTGCAACACCTGCATAAAAACATATGCCAACAGCG
>HPV66_Alpha_1020290_nt7681_Genome_Tile_rc|1
ATACTTGGCTTATACAATAAGGGCTACACGCCAACAAAATATATTGCAACACCTGCATA
>HPV66_Alpha_1020290_nt7701_Genome_Tile_rc|1
GTTACATATTTGCAAGACAGATACTTGGCTTATACAATAAGGGCTACACGCCAACAAAAT
>HPV66_Alpha_1020290_nt7721_Genome_Tile_rc|1
GTAAAATGAGTAAGTATATGGTTACATATTTGCAAGACAGATACTTGGCTTATACAATAA
>HPV55_Alpha_1020266_nt6481_Genome_Tile_rc|1
GAACTGTACTTTTAGTAGCACCTTTAAAAACCAAATCCTGTGGAATGTCCTCTCCAACCG
>HPV55_Alpha_1020266_nt6701_Genome_Tile_rc|1
TCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAGCAGCACATATTGTCATGTTT
>HPV55_Alpha_1020266_nt6721_Genome_Tile_rc|1
GTCGCATGTATTGTTTATATTCTGTACTATTATATGTTGTAGATGGAGACTGAGTTGTAG
>HPV55_Alpha_1020266_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TGTTTTTATAAAACAACATGGCTGTACATATGTTGTATATTGTATACACCAGACATAACAC
>HPV44_Alpha_1020242_nt6481_Genome_Tile_rc|1
GAACAGTATTTTACTAGCACTTTTAATAACCAGATCCTGGGAAACGTCCTCACCAACTG
>HPV44_Alpha_1020242_nt6701_Genome_Tile_rc|1
TGTTCACTAGTATATGTAGACGGAGGGGACTGTGTAGTGGCAGCACATATTGTCATGTTT
>HPV44_Alpha_1020242_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TGTTTTAAAACTAACATGGCTGTACATATGTTATATATTATATATACCAACATAGAACA
>HPV44_Alpha_1020242_nt7541_Genome_Tile_rc|1
AGGTGTGTAAGTAAACATAATAAAGTTCTGGCAGAGATGATTAAATATTTTGCTTGCT
>HPV38_Beta_1020234_nt0061_Genome_Tile_rc|1
CTTGTACCGATTACGTGTGATGGTTGTTAACCACCATTGTTGCCAGGAATAATAAACCAA
>HPV38_Beta_1020234_nt0141_Genome_Tile_rc|1
TGAATACATCCCAAGCTTACAGGCCCTTAAATATATCCTTGTTTTTTTTTTAATTCAT
>HPV38_Beta_1020234_nt0181_Genome_Tile_rc|1
TCACTGAGCTGCTGCACAGTTTGAGGTTTGGTAGTTCCATGAATACATCCCAAGCTTAC
>HPV38_Beta_1020234_nt0201_Genome_Tile_rc|1
CTACAGGAAGTGTAACTTATCACTGAGCTGCTGCACAGTTTGAGGTTTGGTAGTTCCA
>HPV38_Beta_1020234_nt0221_Genome_Tile_rc|1
ACAGGGTAATAACAGATCCTCTACAGGAAGTGTAACTTATCACTGAGCTGCTGCACAGT
>HPV38_Beta_1020234_nt0241_Genome_Tile_rc|1
AGGAACTGTTGCAGAATCTACAGGGTAATAACAGATCCTCTACAGGAAGTGTAACTTA
>HPV38_Beta_1020234_nt0281_Genome_Tile_rc|1
TAAGTTCTTGTAATCAAACCTCACGTAATTCAATGTACGTGAGGAACTGTTGCAGAATCT

>HPV38_Beta_1020234_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TCTTGAGTCCAGATTAAGTTCTTGTAATCAAACCTCACGTAATTCAATGTACGTG
>HPV38_Beta_1020234_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TTCAATTTACGCGCCAAAGACAGTTAATTCATAAACTGCTGACATTCATATTGAGCAGA
>HPV38_Beta_1020234_nt0421_Genome_Tile_rc|1
ATTGTCTGTTGCTCCACCTGTTCAATTTACGCGCCAAAGACAGTTAATTCATAAACTGC
>HPV38_Beta_1020234_nt0721_Genome_Tile_rc|1
AACTATGATTTTGTATGGGGTGTATGCTGGCTCCTCCTCTACCACTGATGCTTCAATATC
>HPV38_Beta_1020234_nt0761_Genome_Tile_rc|1
ACACGTATAGTTTGTAGCCTTACTTCACAACCCCCACAAAGAACTATGATTTTGTATGGGG
>HPV38_Beta_1020234_nt1341_Genome_Tile_rc|1
TTGCTCTGCTGTTACTGCTCCTTAAAAGATCTCTTACAGTACCCAGCCCTATATCACCCCT
>HPV38_Beta_1020234_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TTTAAATTTGCTTAACAGTGTGCTCTGCTGTTACTGCTCCTTAAAAGATCTCTTACAGT
>HPV38_Beta_1020234_nt1641_Genome_Tile_rc|1
GTGGCTCTGACAATATATGATTTTCATGCACCTGTAATAATGTAGCTATTAGTCTTACAA
>HPV38_Beta_1020234_nt1741_Genome_Tile_rc|1
TGTGATAGAATCCAATCAGGAGCTTCACCAAAACAAAACACATTACTATTCAAACCTTCCT
>HPV38_Beta_1020234_nt1961_Genome_Tile_rc|1
TCCTCTTTTATAATATCTTACCATTAAAGCACACTCTTTAACATATTTAACTTGGCTGTT
>HPV38_Beta_1020234_nt2041_Genome_Tile_rc|1
ATATGCTGCCAATTGCCTTCTCCTTCAACTTTAGATATGCAGTGATGAATCCAAGCAGAA
>HPV38_Beta_1020234_nt2061_Genome_Tile_rc|1
GGTATCTAATAAACCTAACAAATATGCTGCCAATTGCCTTCTCCTTCAACTTTAGATATGC
>HPV38_Beta_1020234_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CATAATAAAATTCAAATTTTGGTATCTAATAAACCTAACAAATATGCTGCCAATTGCCTTC
>HPV38_Beta_1020234_nt2101_Genome_Tile_rc|1
GTCCGAAACTTATCTAGAAACATAATAAAATTCAAATTTTGGTATCTAATAAACCTAACAA
>HPV38_Beta_1020234_nt2221_Genome_Tile_rc|1
GCAAAAGATACTACACTACCTTTCAATAGTTTAAATAAGTGACATTGCAAACATAGACTTT
>HPV38_Beta_1020234_nt2241_Genome_Tile_rc|1
AAAATTGACTTTTTCGAATTAGCAAAAGATACTACACTACCTTTCAATAGTTTAAATAAGTG
>HPV38_Beta_1020234_nt2461_Genome_Tile_rc|1
CTACTGTGTAAAAATCTGTATCGTTCCCTCTTTTAAATAAATTAATATTGGAAGTAATAATT
>HPV38_Beta_1020234_nt2481_Genome_Tile_rc|1
GAAAATCAATTTGTGTTACTCTACTGTGTAAAAATCTGTATCGTTCCCTCTTTTAAATAAAT
>HPV38_Beta_1020234_nt2741_Genome_Tile_rc|1
TAGTGATAAAATAATTTGCTCTTGTCTTAAAAGCTGCCAATGCTGAATTTGTGTATCCAGG
>HPV38_Beta_1020234_nt2781_Genome_Tile_rc|1
AGGTTGATAGCCCAATCGAGTAACACCATGTCTCCTTGCATAGTGATAAAATAATTTGCTC
>HPV38_Beta_1020234_nt2841_Genome_Tile_rc|1
TAAAAGGACCATAGAAATGGCATCTTTTGTCTTGGCTTCTGAACTTGCCAAAGAAGGTAC
>HPV38_Beta_1020234_nt2861_Genome_Tile_rc|1
GATTTTTTTCAGGCTTTCAGTAAAAGGACCATAGAAATGGCATCTTTTGTCTTGGCTTCT
>HPV38_Beta_1020234_nt2881_Genome_Tile_rc|1
ATTGTTTCATCTGCATATTTGGATTTTTTCAGGCTTTCAGTAAAAGGACCATAGAAATGG
>HPV38_Beta_1020234_nt2921_Genome_Tile_rc|1
GGGCTGCGAACAGCCTCCAGGCTAGTTTGAGCTAATGTCCATTGTTTCATCTGCATATTTG
>HPV38_Beta_1020234_nt3061_Genome_Tile_rc|1
GGCCTTCCACTTTTTCCCATATGTCCTCATCTGTCAGGTAATATATATATGTCCACACAG
>HPV38_Beta_1020234_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TCGTTTAGCATCATTTTCAAATTTTAAATAATACACCTTTAATTTGCCCTCATAATAATA
>HPV38_Beta_1020234_nt3401_Genome_Tile_rc|1
CTTCTCCTTTGGGTGCCTGTGGTTTCTCTTTGTCTTTTCTTTGCCTGCGGGAGGTGGTT
>HPV38_Beta_1020234_nt3461_Genome_Tile_rc|1

GAGGATCGCCGGGTGTCCCTCCCTCCCTGTTGGTGCTTCGGGACCTTGATCTGCTTTTT
>HPV38_Beta_1020234_nt3801_Genome_Tile_rc|1
TGCATCTCCTATCCATGACCATGTTGTGCTAACAAAGCGAAAGCCACCAGCATGTTTTTT
>HPV38_Beta_1020234_nt3841_Genome_Tile_rc|1
AAGCTAGAAGCATTTCGTGAGCGCCCTATGCGATCATTTGATGCATCTCCTATCCATGACC
>HPV38_Beta_1020234_nt3881_Genome_Tile_rc|1
ATAGTCTGTATAAACTTTTCTCTTTGTGATTCTGAATAAAAAGCTAGAAGCATTTCGTGAG
>HPV38_Beta_1020234_nt3961_Genome_Tile_rc|1
ATATAAAAAATATCTCTTATAGATTATTCTATAAATCATCAAATTGTCCTAATGACCACT
>HPV38_Beta_1020234_nt4521_Genome_Tile_rc|1
GTGGATGAGGGTCAGCCACTTCCAATATAGCATTGGTATTGCGGCCTCCACTCACAACAG
>HPV38_Beta_1020234_nt4541_Genome_Tile_rc|1
GCTAACAGTAGCTCTAGTGGGTGGATGAGGGTCAGCCACTTCCAATATAGCATTGGTATT
>HPV38_Beta_1020234_nt4581_Genome_Tile_rc|1
CAGAAATTATTTGGAAAGCAGGATTATTATATTGAGTTCTGCTAACAGTAGCTCTAGTGG
>HPV38_Beta_1020234_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TCCAGAGGTAGGGATTACTTCAGAAATTATTTGGAAAGCAGGATTATTATATTGAGTTCT
>HPV38_Beta_1020234_nt4641_Genome_Tile_rc|1
ACCC TTCAGACACTAACACGTGATCTGCAAGAGAAGACTCTCCAGAGGTAGGGATTACTT
>HPV38_Beta_1020234_nt4681_Genome_Tile_rc|1
TCTTCTGCTGTTCTGGTACCTCCTATCTGCTGGCCACCAGACCCTTCAGACACTAACACG
>HPV38_Beta_1020234_nt4801_Genome_Tile_rc|1
GCTCTGCGTAATGATGAAAACCTGTTGTCTTGCTCTTTGTAAGGGGGTGCTAGTTCTTCGC
>HPV38_Beta_1020234_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TTAGCCTTCTATTATATAATGCTCTGCGTAATGATGAAAACCTGTTGTCTTGCTCTTTGTA
>HPV38_Beta_1020234_nt4841_Genome_Tile_rc|1
AGTGACACCCACTTGCTCAGTTAGCCTTCTATTATATAATGCTCTGCGTAATGATGAAAA
>HPV38_Beta_1020234_nt4861_Genome_Tile_rc|1
GATGTGAAAAATAAAGGGTCAGTGACACCCACTTGCTCAGTTAGCCTTCTATTATATAAT
>HPV38_Beta_1020234_nt4881_Genome_Tile_rc|1
AACGCACCAATTTGGAAGGTGATGTGAAAAATAAAGGGTCAGTGACACCCACTTGCTCAG
>HPV38_Beta_1020234_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CGACTCACTCTAACATATCCCTCTGCAGACTCAGTTAATGTTGGCCTACCTAATTTAAC
>HPV38_Beta_1020234_nt5061_Genome_Tile_rc|1
TCGTTCCCGTCTTCCCAAACGACTCACTCTAACATATCCCTCTGCAGACTCAGTTAATG
>HPV38_Beta_1020234_nt5081_Genome_Tile_rc|1
TGTACCACTGCGTGTTCCGGATCGTTCCCCGTCTTCCCAAACGACTCACTCTAACATATCC
>HPV38_Beta_1020234_nt5101_Genome_Tile_rc|1
TGTA CTTGTTGATCCTATTTGTGTACCACTGCGTGTTCCGGATCGTTCCCCGTCTTCCCAA
>HPV38_Beta_1020234_nt5281_Genome_Tile_rc|1
AAAGTATCTGGATCCATAGAAGTTTCTGTAAGAACACCTTCAGGAACCTCAGTCACATTT
>HPV38_Beta_1020234_nt5301_Genome_Tile_rc|1
GTAATAAATCCTCTGAATTAAAAGTATCTGGATCCATAGAAGTTTCTGTAAGAACACCTT
>HPV38_Beta_1020234_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GTCTTCTATAGCATCATCCAGTAATAAATCCTCTGAATTAAAAGTATCTGGATCCATAGA
>HPV38_Beta_1020234_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TACAGTGATTGACGTAGTGGATCTGCGTGGAGTTCCTACAACCTAAGATCCGCTGAA
>HPV38_Beta_1020234_nt5401_Genome_Tile_rc|1
TGAGGAGTCTGAAATCTAGGTACAGTGATTGACGTAGTGGATCTGCGTGGAGTTCCTACA
>HPV38_Beta_1020234_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GATAATATATGGTAGGATTTTGAGGAGTCTGAAATCTAGGTACAGTGATTGACGTAGTGG
>HPV38_Beta_1020234_nt5441_Genome_Tile_rc|1
ATGATACCCCTGTATATCCTGATAATATATGGTAGGATTTTGAGGAGTCTGAAATCTAGG
>HPV38_Beta_1020234_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CTGCTTTCGGGATATGAAACATGATACCCCTGTATATCCTGATAATATATGGTAGGATTT

>HPV38_Beta_1020234_nt5481_Genome_Tile_rc|1
AAATAATGGCGGGTCTTTCTCTGCTTTCGGGATATGAAACATGATACCCCTGTATATCCT
>HPV38_Beta_1020234_nt5501_Genome_Tile_rc|1
AGGAATATCGGGTGTAGGATAAATAATGGCGGGTCTTTCTCTGCTTTCGGGATATGAAAC
>HPV38_Beta_1020234_nt5541_Genome_Tile_rc|1
AAAAATCTCCAGAGGAATCAGCAACATGTATACTACTGTAGGAATATCGGGTGTAGGAT
>HPV38_Beta_1020234_nt7141_Genome_Tile_rc|1
AAAACGGTTACTGGGTCCTTTTGCGTTTTACAGATTTGGAAGATTTTCTTACTAACGGCC
>HPV37_Beta_1020226_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TTGAGGCTTAGGCCTAGCCATATATTCTCTTAAGTATTGCTCATCATATTTATTTAGATC
>HPV37_Beta_1020226_nt0381_Genome_Tile_rc|1
CTGAGTGCTCATAGAACTGGTAAATTCAAACGTGTGCTGTAGCATAGGCACAGCTAGTAC
>HPV37_Beta_1020226_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TTCTATCTCCCTCCCACTAACTGAGTGCTCATAGAACTGGTAAATTCAAACTGTGCTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt0501_Genome_Tile_rc|1
GCTGAGTATAGCAAGTCTCCAACCTCTCTAACAAATCCAATAAATTAAAGCAAATTTGC
>HPV37_Beta_1020226_nt0821_Genome_Tile_rc|1
AGTTTGGACAAACCAGCTGCACTTCACCAAGTAATAGCTCTTCTTGATCTAATTCCAA
>HPV37_Beta_1020226_nt2121_Genome_Tile_rc|1
GAGTGTTATGCAAAAATGATTTAAAGACATCTAGAAACCTTATAAAATTGATATCTTGA
>HPV37_Beta_1020226_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TAAAGACAATTCTTTTTAGGAGTGTTATGCAAAAATGATTTAAAGACATCTAGAAACCT
>HPV37_Beta_1020226_nt2301_Genome_Tile_rc|1
ACACATGCGTGACGTCATCTATTAAAGCAATTTTAGTATCTGCCAACGGCTGCAACCAA
>HPV37_Beta_1020226_nt2741_Genome_Tile_rc|1
TGAAACAGGATCTGCTCCTGCCTTAGAAGTTGCCAATGCATAATTTGGGTCTCTAGGTCA
>HPV37_Beta_1020226_nt2901_Genome_Tile_rc|1
AGTTTGTGTAAGTGTCAGGACTCTTTACCATAAGCAGACTGTTGTAAACTTTCTAATAA
>HPV37_Beta_1020226_nt3281_Genome_Tile_rc|1
GCGAGCGGCGACCCGATACGGTGTGGACGGAGGCTGCCCCGTCTGTCCCTTCTCCAGCT
>HPV37_Beta_1020226_nt3821_Genome_Tile_rc|1
GTGGTACTGTAGTACTTAAGTAGGTTTCCATGCTTTTTTCTTAGCTCTATAGCGATAGCAT
>HPV37_Beta_1020226_nt3921_Genome_Tile_rc|1
AGTTTTTTAAAAACAACCTCTCTTCTGTATTGGATTGAAATGCAAGTAACATGCGTGACCT
>HPV37_Beta_1020226_nt3941_Genome_Tile_rc|1
ACTCCTGGTGTGAATTTTCATAGTTTTTAAAAACAACCTCTCTTCTGTATTGGATTGAAAT
>HPV37_Beta_1020226_nt4001_Genome_Tile_rc|1
GTTAGTTTGTATATAAAAAAGCTGTTTTACAAATTCATCTAAATGACCCAGTGACCAATCA
>HPV37_Beta_1020226_nt4021_Genome_Tile_rc|1
GTAGCAAAAAGCAAAAGCAATGTTAGTTTGTATATAAAAAAGCTGTTTTCACAATTCATCTA
>HPV37_Beta_1020226_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATTGGAACGTTAGTAGGTTAGTAGCAAAAAGCAAAAGCAATGTTAGTTTGTATATAAAAAAG
>HPV37_Beta_1020226_nt4921_Genome_Tile_rc|1
TAATTGTGAGGGTCTACTCAAGAATAAAGGATCCGTGACTGCTACCTGTTCTGTTAATCT
>HPV37_Beta_1020226_nt4941_Genome_Tile_rc|1
TTGTCAAACGTGAACTGTACTAATTGTGAGGGTCTACTCAAGAATAAAGGATCCGTGACT
>HPV37_Beta_1020226_nt5101_Genome_Tile_rc|1
ACGACGTCTAATCTGCTTACTCTTAAATACGCTTGTGGTGTTCAGCAACAGTAGGTCT
>HPV37_Beta_1020226_nt5121_Genome_Tile_rc|1
CTACGAGTACGGATGGTAGCACGACGTCCTAATCTGCTTACTCTTAAATACGCTTGTGGT
>HPV37_Beta_1020226_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TGCCCTATATTTAAGGGACCTGGTTCATCAATATTTATATCAACAAATGAACTTTCTACA
>HPV37_Beta_1020226_nt5321_Genome_Tile_rc|1
CTGCCATAGTAGACTCTTGTTGCCCTATATTTAAGGGACCTGGTTCATCAATATTTATAT
>HPV37_Beta_1020226_nt5341_Genome_Tile_rc|1

AGAATTAAAAATCTGTGTCATCTGCCATAGTAGACTCTTGTTGCCCTATATTTAAGGGACC
>HPV37_Beta_1020226_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TCCTCTAACAAATAAATCTGCAGAATTAATAATCTGTGTCATCTGCCATAGTAGACTCTTGT
>HPV37_Beta_1020226_nt5441_Genome_Tile_rc|1
ATCTAGGTATTGTGATAGAATTTGTACTGCGCGTGAGGTTCCAAAAACCAACTGAGATC
>HPV37_Beta_1020226_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TGTGTACCGTGACTCAGGATAGGCTACATTGTAACCTTGAATATCTTGTATATAAAATCC
>HPV37_Beta_1020226_nt5541_Genome_Tile_rc|1
TGTGGCAAGATAACTTGTGTTGTGTACCGTGACTCAGGATAGGCTACATTGTAACCTTGA
>HPV36_Beta_1020218_nt0121_Genome_Tile_rc|1
ACCCAACCTTTGAAGCATATATATATATATTTATTTATTTATTTATACTATACAGTATAT
>HPV36_Beta_1020218_nt0141_Genome_Tile_rc|1
TTTGCCTTAATTATTAAAAAACCAACCTTTGAAGCATATATATATATATTTATTTATTT
>HPV36_Beta_1020218_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TTCGGAGGCTTGCTCTGCCATTTGCCTTAATTATTAAAAAACCAACCTTTGAAGCATAT
>HPV36_Beta_1020218_nt0181_Genome_Tile_rc|1
TTTTCTGTAATATTCTGCTGTTTCGGAGGCTTGCTCTGCCATTTGCCTTAATTATTAAAA
>HPV36_Beta_1020218_nt0201_Genome_Tile_rc|1
AAGGCAGCTGTTCTTTTTCTTTTTCTGTAATATTCTGCTGTTTCGGAGGCTTGCTCTGCCA
>HPV36_Beta_1020218_nt0281_Genome_Tile_rc|1
AAATTTGCCACAAAAGTTACAAGGTATTAGACAGTCTACAAACGGAATGCCTAATGATTC
>HPV36_Beta_1020218_nt0501_Genome_Tile_rc|1
GAAAAGCTAAGCACGTCTGACACCTAATGTCAATTTCAAATATGGAGCGACCTGCAGCCA
>HPV36_Beta_1020218_nt2061_Genome_Tile_rc|1
ACCTCATGTATTTTAGTATAGATCCATTCCGACATGGACATATCCCTCATTTGACCTTTT
>HPV36_Beta_1020218_nt2381_Genome_Tile_rc|1
AACCGTTTCTTAGATAATTATCCATATATAACCAACAGGGGTCAGTTACATCATCAATCA
>HPV36_Beta_1020218_nt2401_Genome_Tile_rc|1
TGAGACATAATGCCCATCTAAACCGTTTCTTAGATAATTATCCATATATAACCAACAGGG
>HPV36_Beta_1020218_nt2421_Genome_Tile_rc|1
GCTTTGTATTTACAATCCAATGAGACATAATGCCCATCTAAACCGTTTCTTAGATAATTA
>HPV36_Beta_1020218_nt2961_Genome_Tile_rc|1
TAAAAGTTTCTATACTGGTGTCAACTAATGTCCAAGTTTCAGATGCATATTCAGACGTTT
>HPV36_Beta_1020218_nt3101_Genome_Tile_rc|1
TCTGGCTTTATGCCACACATCGTCTTCCATATAATACACGTATGTCCACATAGTGTACAA
>HPV36_Beta_1020218_nt3621_Genome_Tile_rc|1
CTCCCCCTTCTAGAGGTGCTTCTGGATCGTGATCTGGTTGATACCCGCTGGACCCAGTCT
>HPV36_Beta_1020218_nt3641_Genome_Tile_rc|1
CCGTGACCTCCGCTTCTACCTCCCCCTTCTAGAGGTGCTTCTGGATCGTGATCTGGTTGA
>HPV36_Beta_1020218_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CAGCATAGCATTAGTGTTAGAGACTGTCAAGGTTGCCATATGATTTTTCAACTCCTTTC
>HPV36_Beta_1020218_nt4241_Genome_Tile_rc|1
AGTATAAAAAGCTAATTTGTTAGTGTTGTTAGTAGCAAAGCAGCATAGCATTAGTGTTA
>HPV36_Beta_1020218_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TGCAGGTACAAAAGTAAAAAAGTATAAAAAGCTAATTTGTTAGTGTTGTTAGTAGCAAAG
>HPV36_Beta_1020218_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ACCCTTTTAGCACGCGCCATTGCAGGTACAAAAGTAAAAAAGTATAAAAAGCTAATTTGT
>HPV36_Beta_1020218_nt4941_Genome_Tile_rc|1
AGTTCAATTTTCATCAGTAATATCAGCCCCCTATTCTTTGTCCCCCGGACCCCTGATGTCAC
>HPV36_Beta_1020218_nt4961_Genome_Tile_rc|1
ATCTACTAGGAAGTTCTTGAAGTTCAATTTTCATCAGTAATATCAGCCCCCTATTCTTTGTC
>HPV36_Beta_1020218_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TGGCCTGTAAAGGTGTGCTGCTACGTCTAGGTGGAGTTGGTTCTTCATTTTCAAAGTAT
>HPV36_Beta_1020218_nt5041_Genome_Tile_rc|1
CCGTCTACCTGCAGCTCGTGTGGCCTGTAAAGGTGTGCTGCTACGTCTAGGTGGAGTTGG

>HPV36_Beta_1020218_nt5061_Genome_Tile_rc|1
TTAGTTAAAGAAACACCTCTCCGTCTACCTGCAGCTCGTGTGGCCTGTAAAGGTGTGCTG
>HPV36_Beta_1020218_nt5301_Genome_Tile_rc|1
GTACCTAATCTACTAACCCTCACATACCCTGCAGGAGTTGTAGAATATTGGGGACGACCC
>HPV36_Beta_1020218_nt5321_Genome_Tile_rc|1
GCGTGCGAATGGTTGCACGAGTACCTAATCTACTAACCCTCACATACCCTGCAGGAGTTG
>HPV36_Beta_1020218_nt5521_Genome_Tile_rc|1
ATCAGAAAAGGCTTCCACACTTTTCAGACAAAGGATTTTCAGACACATTTACGTCTATAAA
>HPV36_Beta_1020218_nt5681_Genome_Tile_rc|1
CTGGGTATGCAACATAATATCCTTTACTGTCCCTGGACATAATAAGAACCCTCCTAGTAG
>HPV36_Beta_1020218_nt7401_Genome_Tile_rc|1
TGTACCAAAAACGGTCATATTACTGTTTTTCGCTTGCCTTGGTTCCCTCTGGTGAACCCTC
>HPV36_Beta_1020218_nt7561_Genome_Tile_rc|1
GGTCGATCTGCTTCCAAGATGATATGTTCTGGCACTAAACAGAGTCTATATTGGCAGCAG
>HPV36_Beta_1020218_nt7661_Genome_Tile_rc|1
TTACCGGTCAGCTATCTCAGCCAAAAGCGATTGCCAACAGCGATTGTAGATTAAATCTTC
>HPV29_Alpha_1020210_nt1261_Genome_Tile_rc|1
TCCTTTGTACCACTCCCCTCCTTATACTGCTGTCGGCCATTTTGATCACCCGTCTCGCAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt1861_Genome_Tile_rc|1
TGTACCATTTTCAGATAAACTGAACGTACTTCTTGTAATGCGTGACCTACCATTGTCTGT
>HPV29_Alpha_1020210_nt3881_Genome_Tile_rc|1
GTCGACACAGATAAAAATCCAGGCTGCTACACGTTGTGGCACAGTAGTCAAAACACAGAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt4001_Genome_Tile_rc|1
AATATAGTGCCACCAATCCTAGGTATAAACACAACACAATGGCCAAAGTAGCAAGTAAGCG
>HPV29_Alpha_1020210_nt4041_Genome_Tile_rc|1
ATAGCCTAAGTGTTCGTGCAATGTGCTGCACAACCTTGTAATATAGTGCCACCAATCCT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4061_Genome_Tile_rc|1
TAATTATTATAGGATACATGATAGCCTAAGTGTTTCGTGCAATGTGCTGCACAACCTGTA
>HPV29_Alpha_1020210_nt4161_Genome_Tile_rc|1
ACTATAAATAACAACAGGCATACCATTAGTATTAACAATCCCAACACATACACGTCCCTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4281_Genome_Tile_rc|1
CACATGCACAATTGTATGGCCATGTATACAATACACGTATTACCACAGCCACATATAAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt4301_Genome_Tile_rc|1
AAGTGGTAGAACTTTAAAAACACATGCACAATTGTATGGCCATGTATACAATACACGTAT
>HPV29_Alpha_1020210_nt4321_Genome_Tile_rc|1
AACAACAAAAAAAACAAAAAAGTGGTAGAACTTTAAAAACACATGCACAATTGTATGGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt4341_Genome_Tile_rc|1
TTGAACTGTAAAAACAAAGGAACAACAAAAAAAACAAAAAAGTGGTAGAACTTTAAAAA
>HPV29_Alpha_1020210_nt4881_Genome_Tile_rc|1
GTTTCTCCAGTTTGTGGAATTTCCAAGAGTGAAGGCTCGGTGAATAAAGGATTATTAAAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt5601_Genome_Tile_rc|1
AGAATAATATCAGGGCCCGTGTGTAAAGGCACATCAACTGGCGACACGAATGGAATAGTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6581_Genome_Tile_rc|1
GTACAAGGAATCTGGGATTTTGTCCCCTACTACACCAGCACGATTAAAGAAGTGCCTGGC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6621_Genome_Tile_rc|1
TGGCACTGCCAGGAGTTTCTCGCCCGTTGTTACCCTTTAAGTACAAGGAATCTGGGATTT
>HPV29_Alpha_1020210_nt6841_Genome_Tile_rc|1
TCTTTAATCTTGGTAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAGACTCTGTGGTAGCACACAAC
>HPV29_Alpha_1020210_nt6861_Genome_Tile_rc|1
CCTCCCCATGTCTCAAATATTCTTTAATCTTGGTAGCATCATAAGTGGTCAACGGTTGAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt6981_Genome_Tile_rc|1
GCAATGTCAATCCAAAATTCCAGTCTTCAAGTAAGGCACTGTTTCATAGTATGAAGGTAAG
>HPV29_Alpha_1020210_nt7221_Genome_Tile_rc|1
TGGTCTGTTCCGGCGCTTTCTGGAGGGGACTACTGAACGCCGGCGCGCACCGATCTGTAATA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7261_Genome_Tile_rc|1

TTTTTCGAGCGTTTTTCGCTTTGCAGGGGTGGGGCCGTGGTGGTCGTTTCGGCGCTTTCTG
>HPV29_Alpha_1020210_nt7341_Genome_Tile_rc|1
GACATACAAACACATATGGTAATAAATACATACACACATTACATTACACAACATACAGCA
>HPV29_Alpha_1020210_nt7481_Genome_Tile_rc|1
ATCGGTCCCCTGACCTATACCTTAACCTTCTTACTCAGCAAACAATTATATGTATAAAATA
>HPV28_Alpha_1020202_nt0081_Genome_Tile_rc|1
GCACAATAGGAATATGTTTTTAGGCCGTGGTTCATCCATTGAGCTTCTGCCATTCAATGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt0141_Genome_Tile_rc|1
CACTTTGGCGCAGAATATGCAGTGCAAACGGAGGTCATCAAATGATATTCCACTGTCTCT
>HPV28_Alpha_1020202_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GATAGCTCCGCTGTGGTCAGCACTTTGGCGCAGAATATGCAGTGCAAACGGAGGTCATCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt2281_Genome_Tile_rc|1
TTTGAATTGGCATAAGATATTACCACCCACCTAGAAATCTTAATAGACTCATGCAGAAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt3801_Genome_Tile_rc|1
ACGGTTCGATAATTATACAAACATTGACATATGTCCCAATATTACCTGTATACCAGGTGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt3821_Genome_Tile_rc|1
TCTGCACACTGTATCACCACACGGTTCGATAATTATACAAACATTGACATATGTCCCAAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CAAAGGATACATAGCAAGGCTTATGTATTGATTTGTACAATATGTGATACAATTCGCAAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4041_Genome_Tile_rc|1
CCATTGTTGTCCCTTAGCACCAAGGATACATAGCAAGGCTTATGTATTGATTTGTACAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AATATAAAACAACAATAGATACACGTCATCTGGCTCCAGAAACAGGACAGTATGATCG
>HPV28_Alpha_1020202_nt4161_Genome_Tile_rc|1
CTACACAGTTACAAAAACCCAAATGTCTATACAAGATAAACAATGCAAGTATAACAAAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4181_Genome_Tile_rc|1
GGTGACCAACTAACACACAACCTACACAGTTACAAAAACCCAAATGTCTATACAAGATAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4201_Genome_Tile_rc|1
AGTACTTAAAAATACATTGTGGTGACCAACTAACACACAACCTACACAGTTACAAAAACCC
>HPV28_Alpha_1020202_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TAGCACACTGGGATATACACAGTACTTAAAAATACATTGTGGTGACCAACTAACACACAA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4261_Genome_Tile_rc|1
GTAAAAAATAAACAAGTGTAGAAAAGGCAGTGGCTCAATAGCACACTGGGATATACAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt4781_Genome_Tile_rc|1
AACGAGGGTTTCAGTAAAGGCAGGGTTGGTAAAGTTGGAACCTACTAATGACCACATTGTCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt4801_Genome_Tile_rc|1
CATTTTGGGGAACCTCTAACAACGAGGGTTTCAGTAAAGGCAGGGTTGGTAAAGTTGGAAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt5341_Genome_Tile_rc|1
CATAAATAGAAATCCCAGCAGCGTTTTTCAGCAGGAGCAAGCAAAGGCTCCATTTCAATGT
>HPV28_Alpha_1020202_nt5421_Genome_Tile_rc|1
AGTGTATCCCCGAGATGACGTGGCGCTGCGACTTCTACCAGTAAAAGCTATGTCAGCGTC
>HPV28_Alpha_1020202_nt5441_Genome_Tile_rc|1
GAAGACAGTGGGGACACCGTAGTGTATCCCCGAGATGACGTGGCGCTGCGACTTCTACCA
>HPV28_Alpha_1020202_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CATACTTGGTAGTTAGTGTGGAAGACAGTGGGGACACCGTAGTGTATCCCCGAGATGACG
>HPV28_Alpha_1020202_nt5881_Genome_Tile_rc|1
GGCGGACACTTTGGGCACATCTGCTTTGTTAGTGGATGATTTAGGAATGGGAAAATAAGG
>HPV28_Alpha_1020202_nt5901_Genome_Tile_rc|1
CGGAATACCTTATACTGAAAGGCGGACACTTTGGGCACATCTGCTTTGTTAGTGGATGAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6521_Genome_Tile_rc|1
TGCCCTGACCTTTAATATACAATGTTTCAGGAATGGTGTCCCAGCAACACCAGCTCTAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt6541_Genome_Tile_rc|1
ACCAATCACATCCCTCCCGTTGCCCTGACCTTTAATATACAATGTTTCAGGAATGGTGTGTC
>HPV28_Alpha_1020202_nt7101_Genome_Tile_rc|1
CCTACACCCAACCTGCATTAAAAATTTCTTCCCAGAGGGAATTGCGATAGATCAAGAGAA

>HPV28_Alpha_1020202_nt7241_Genome_Tile_rc|1
CATACACTGACACACAGGACAACAACAGGCAAACATACAAAACACAGTAGTGCTACTTTT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7281_Genome_Tile_rc|1
ACATACACCATACTTTTGTACAAACACATATCAGGGACGCCCATACACTGACACACAGGAC
>HPV28_Alpha_1020202_nt7341_Genome_Tile_rc|1
GGACAACAACAGGCAAACATACAAAACACAGTTATAACCACATTACATGCATACACAAAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TGTACAAGCACATAGCAGGACGCCCACACACTGACACACAGGACAACAACAGGCAAACAT
>HPV28_Alpha_1020202_nt7401_Genome_Tile_rc|1
CAAATACATACACCATACTTTTGTACAAGCACATAGCAGGACGCCCACACACTGACACACA
>HPV28_Alpha_1020202_nt7661_Genome_Tile_rc|1
AATAAACTATAGAAAGATAGTATCACAGCCAAAACTTGCGAGACAGGGCAGGTTTGCAG
>HPV28_Alpha_1020202_nt7681_Genome_Tile_rc|1
AAGAATGATACAGCAAATGAAATAAACTATAGAAAGATAGTATCACAGCCAAAACTTGC
>HPV28_Alpha_1020202_nt7701_Genome_Tile_rc|1
AGACATTTTGACGTGCCAGAAAGAATGATACAGCAAATGAAATAAACTATAGAAAGATAG
>HPV28_Alpha_1020202_nt7900_Genome_Tile_rc|1
TAATTATAGTTGGAAAGAAACGTGTAGCAACTGCTTAATTTATGGCTAGAAAGCAAGCAG
>HPV23_Beta_1020186_nt0201_Genome_Tile_rc|1
GCGTCGAGTCCATCAATAATTTGGTGTAGCACATCCTACTTAAATAATGCACAGTCTGCA
>HPV23_Beta_1020186_nt0301_Genome_Tile_rc|1
TCTAAATAGGTAAGAAACCTAGAACAAAATCTGCAAGGTAGCAAGAGATCTACCACTGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt0341_Genome_Tile_rc|1
CCAGATTAACTGCAAATGTTTATAATCAAATTTCTCGCAACTCTAAATAGGTAAGAAACCT
>HPV23_Beta_1020186_nt0461_Genome_Tile_rc|1
TTGCTCCTCCTGCTCAATTTTCACGACCATACACAGTTAGCTGATAAAATTTGTTGAATTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt0801_Genome_Tile_rc|1
AGCACGTAAAGCTTTAACTGTGTCTCACAGCCTCCACAACTACGATGATCTTGTAAGGA
>HPV23_Beta_1020186_nt0841_Genome_Tile_rc|1
CAAAGATGCTTGGAACGAGCGAATTCCAAAATCTGTGGCTAGCACGTAAAGCTTTAACTG
>HPV23_Beta_1020186_nt0861_Genome_Tile_rc|1
ACCAGCTTCACGTTTTCTAGCAAAGATGCTTGGAACGAGCGAATTCCAAAATCTGTGGCT
>HPV23_Beta_1020186_nt0881_Genome_Tile_rc|1
CTTCTCGACAGGACAGGACACACCAGCTTCACGTTTTCTAGCAAAGATGCTTGGAACGAGC
>HPV23_Beta_1020186_nt0981_Genome_Tile_rc|1
CTAGGTCATATCATCAGAACAAGCAGCCTCTAATAAGCACCAAGTACTACAGCCTTCTT
>HPV23_Beta_1020186_nt1001_Genome_Tile_rc|1
TAATTTCTCCAACTATCATCTAGGTCATATCATCAGAACAAGCAGCCTCTAATAAGCA
>HPV23_Beta_1020186_nt1421_Genome_Tile_rc|1
TCCAAAACCTTCCTTAAATTTATGTAGCAACACTGCTTTAGCATTTTTACATCTTAACAA
>HPV23_Beta_1020186_nt1441_Genome_Tile_rc|1
GTAAGCTCATTAATACTAATTCCAAAACCTTCCTTAAATTTATGTAGCAACACTGCTTTA
>HPV23_Beta_1020186_nt1461_Genome_Tile_rc|1
TATTGCTTTTAACTGTCTGGTAAGCTCATTATACTAATTCCAAAACCTTCCTTAAATT
>HPV23_Beta_1020186_nt1481_Genome_Tile_rc|1
CCAATGTTTACAGCAGGTCTTATTGCTTTTAACTGTCTGGTAAGCTCATTATACTAAT
>HPV23_Beta_1020186_nt1561_Genome_Tile_rc|1
CAAATATAAGAACAGTGCTGTTGTAACAATTGCTTAGACGCATCTATGAGCTCTTCTTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt1601_Genome_Tile_rc|1
GCAACATAAATAAAGTGACATAGGTGTGTATGCTGCAACCAATATAAGAACAGTGCTG
>HPV23_Beta_1020186_nt1661_Genome_Tile_rc|1
TATTTGCAGCATAGAAATCAATAATTTTACAACCTGTTTCTACTTTTTGCAACATTAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt1681_Genome_Tile_rc|1
GATAATATATGATTTTCATGTATTTGCAGCATAGAAATCAATAATTTTACAACCTGTTTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt1701_Genome_Tile_rc|1

TTCTGTTTTTCGGAGGTTCTGATAATATATGATTTTCATGTATTTGCAGCATAGAAATCA
>HPV23_Beta_1020186_nt1921_Genome_Tile_rc|1
TCTGTGTCAGCCAATTTTGCATAGTTATAAGCAATACTACATTTCGTCAAGATGATCATTAA
>HPV23_Beta_1020186_nt2061_Genome_Tile_rc|1
TTCTAGATATGCAATGATGTACCCATGCAGAAATAGTCATTTCTCGCATTTACCTCTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CCATTGTCCATCACCTTCAATTCTAGATATGCAATGATGTACCCATGCAGAAATAGTCAT
>HPV23_Beta_1020186_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TTTATCTAAAAATACAATGAAGTTTAATCCCTGATAGCGCAAAAATTTAACAATATCTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt2161_Genome_Tile_rc|1
TTCTGTAAAAACGTTCTAAATTTATCTAAAAATACAATGAAGTTTAATCCCTGATAGCGC
>HPV23_Beta_1020186_nt2501_Genome_Tile_rc|1
CAAGTAAGGAACTTCTTTTCTTTCTTAAGGCTAATATTAGATGTAATAATTAATGGTGG
>HPV23_Beta_1020186_nt2521_Genome_Tile_rc|1
AATTCATATATTTCTACTATGCAAGTAAGGAACTTCTTTTCTTTCTTAAGGCTAATATTA
>HPV23_Beta_1020186_nt2801_Genome_Tile_rc|1
CGTTTTTCGAGCATAATAACAATAAAATTTGTCTTGTCTTAAGAGTTTCCAATGCTGTATT
>HPV23_Beta_1020186_nt3201_Genome_Tile_rc|1
TGTAGTACCAAAGCGCTTTGCATCTGCTTCAAATTTAATGTAATAGTTTTTAAGTTGGCC
>HPV23_Beta_1020186_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TTCCTAGGTGCAACGCCACCCCTGTAAACAGACTCTGGTGATCTGGATCTTGATCTGGA
>HPV23_Beta_1020186_nt3861_Genome_Tile_rc|1
AAATGCTATTAACATCCTTGACGCCCTACTCTATCAGTAGAATGACCCCCAATCCATGA
>HPV23_Beta_1020186_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TCCCTTTTCATGATTAGAATGAAATGCTATTAACATCCTTGACGCCCTACTCTATCAGTA
>HPV23_Beta_1020186_nt3901_Genome_Tile_rc|1
TCATTTCTTGAATACATTTTTTCCCTTTTCATGATTAGAATGAAATGCTATTAACATCCTTG
>HPV23_Beta_1020186_nt3921_Genome_Tile_rc|1
ATCTACTCCTAAAGGTAACCTTCATTTCTTGAATACATTTTTTCCCTTTTCATGATTAGAATG
>HPV23_Beta_1020186_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TCAAATTTGTCCATAGGACCAATCTACTCCTAAAGGTAACCTTCATTTCTTGAATACATTTT
>HPV23_Beta_1020186_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AGCAATATAGCAATATAAGTTAGTAAAAAATAGCAATAGGCAATGTTAGTGTGTAAAT
>HPV23_Beta_1020186_nt4081_Genome_Tile_rc|1
TTTGTATATATCAGTAACAGACGCTCGCTTAGTTCTTTGCGCCCGTACCATAATGTTAGT
>HPV23_Beta_1020186_nt4261_Genome_Tile_rc|1
TCGTACTCCAGGTCGCAATGGGACGTACCCCGTGGCACCACCGGTACCCCTACCTGTACC
>HPV23_Beta_1020186_nt4481_Genome_Tile_rc|1
TAGGTGTATCAATTCCTATGTCTACAGGTGTAGGATGTACCTCTGCAATAGTTTCTGCTT
>HPV23_Beta_1020186_nt4501_Genome_Tile_rc|1
GTCACGGCCTCCAGCTACAATAGGTGTATCAATTCCTATGTCTACAGGTGTAGGATGTAC
>HPV23_Beta_1020186_nt4541_Genome_Tile_rc|1
ACCTTGTTGGAGGATTAGTATCTACCACCTCTAAAATGGCGTCACGGCCTCCAGCTACAA
>HPV23_Beta_1020186_nt4561_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTTCTTGTTACACTGAACCTTGTTGGAGGATTAGTATCTACCACCTCTAAAATGGC
>HPV23_Beta_1020186_nt4641_Genome_Tile_rc|1
ACAAATACATGATCAGCAAGGGATGCCTCACCTGTGATAGGTGTGGATTCTGAAATTATT
>HPV23_Beta_1020186_nt4681_Genome_Tile_rc|1
AGTTACCGCTCCTACGTGCTGACCTCCAGAACCTTCAAACACAAATACATGATCAGCAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt4701_Genome_Tile_rc|1
GTATCTAATTCATCTCTTCAGTTACCGCTCCTACGTGCTGACCTCCAGAACCTTCAAAC
>HPV23_Beta_1020186_nt4741_Genome_Tile_rc|1
TGTAGCTTCCTCAATTTCAAAGGAATATCTGGAAGGATATGTATCTAATTCATCTCTTC
>HPV23_Beta_1020186_nt4801_Genome_Tile_rc|1
ACGTAGGTTCTGAATTCCTGACTTATTCTTTCAATGGGAGTACTAGTTCTGCGTGGTGG

>HPV23_Beta_1020186_nt4821_Genome_Tile_rc|1
CGCCTGTTATACAGTGTCTACGTAGGTTTCCTGAATTCCTGACTTATTCTTTCAATGGGA
>HPV23_Beta_1020186_nt4881_Genome_Tile_rc|1
ACAAGTTTAGATGGAGTAGTTAAAAATAAAGGGTTTTTTACTTGAACCTGTTCTGTAAAG
>HPV23_Beta_1020186_nt5021_Genome_Tile_rc|1
TGGATTCTGTAAATAATGGTCTTCCTAATCTGTCTATATCTAAAAAGTCCCTATCTGGAG
>HPV23_Beta_1020186_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TAATCTAATACGGCCTTCAGTGGATTCTGTAAATAATGGTCTTCCTAATCTGTCTATATC
>HPV23_Beta_1020186_nt5061_Genome_Tile_rc|1
GCCCTTTGACCTAACCTACTTAATCTAATACGGCCTTCAGTGGATTCTGTAAATAATGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt5121_Genome_Tile_rc|1
AAATCTGTATAGAAGTGTACACGTGAACCAACACGTGTTCCACTGCGTGTTGAATGGAA
>HPV23_Beta_1020186_nt5141_Genome_Tile_rc|1
CTTCTGTATTAATAGTGCTTAAATCTGTATAGAAGTGTACACGTGAACCAACACGTGTTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt5161_Genome_Tile_rc|1
TAATTCTAATCTATAGGTTCTTCTGTATTAATAGTGCTTAAATCTGTATAGAAGTGTAC
>HPV23_Beta_1020186_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GTTCTCAATAACTGATGCATCTCCAGAATGCTCGCCTAATAATTCTAATCTATAGGTT
>HPV23_Beta_1020186_nt5221_Genome_Tile_rc|1
TATTACAGTGCTTTGCAGAGGTTCCCTCAATAACTGATGCATCTCCAGAATGCTCGCCTAA
>HPV23_Beta_1020186_nt5241_Genome_Tile_rc|1
ACATCATCTAAGTTCATATCTATTACAGTGCTTTGCAGAGGTTCCCTCAATAACTGATGCA
>HPV23_Beta_1020186_nt5281_Genome_Tile_rc|1
ATAATCATCTGCAGTATCTATAGTATCCTGAATAGCCTCAACATCATCTAAGTTCATATC
>HPV23_Beta_1020186_nt5301_Genome_Tile_rc|1
AATAAAAGATCTGCAGAGTTATAATCATCTGCAGTATCTATAGTATCCTGAATAGCCTCA
>HPV23_Beta_1020186_nt5321_Genome_Tile_rc|1
ATTCTTCAATTGCATTGTCCAATAAAAGATCTGCAGAGTTATAATCATCTGCAGTATCTA
>HPV23_Beta_1020186_nt5341_Genome_Tile_rc|1
CACTAATTGAGAATTATTAAATTCTTCAATTGCATTGTCCAATAAAAGATCTGCAGAGTT
>HPV23_Beta_1020186_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GTATAGAATATGCAGACGAAGATCTATCAGAAAGTGCCAAACACTAATTGAGAATTATTAA
>HPV23_Beta_1020186_nt5461_Genome_Tile_rc|1
TGTGGGCCCAGGATAAATTACCTGATTACCTTCTATATCTTGAACATATACAATTGTTTC
>HPV23_Beta_1020186_nt5481_Genome_Tile_rc|1
AATATTATAGTTGGCCTTTCTGTGGGCCCAGGATAAATTACCTGATTACCTTCTATATCT
>HPV23_Beta_1020186_nt5521_Genome_Tile_rc|1
CAATGTGTGTATGACTACAGCAGGGGCACTAGGTAAGGGAAATATTATAGTTGGCCTTTC
>HPV23_Beta_1020186_nt5541_Genome_Tile_rc|1
TAATAATCAAAAGACTTGTCCAATGTGTGTATGACTACAGCAGGGGCACTAGGTAAGGGA
>HPV23_Beta_1020186_nt5561_Genome_Tile_rc|1
TTCTTAAGCTGGGATGTAAGTAATAATCAAAAGACTTGTCCAATGTGTGTATGACTACAG
>HPV23_Beta_1020186_nt5981_Genome_Tile_rc|1
GAGCTTATTAAATAGCGGGTGTCTGTACTGCCGACCCCTAAAGGTTGGCCGCGGCCGAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6001_Genome_Tile_rc|1
CTAGAATTTTCTGCATCACGGAGCTTATTAAATAGCGGGTGTCTGTACTGCCGACCCCT
>HPV23_Beta_1020186_nt6021_Genome_Tile_rc|1
CAGTACCTTCTGACGTTCACTAGAATTTTCTGCATCACGGAGCTTATTAAATAGCGGGT
>HPV23_Beta_1020186_nt6041_Genome_Tile_rc|1
GATATTTCTTCTGTCATCTACAGTACCTTCTGACGTTCACTAGAATTTTCTGCATCACG
>HPV23_Beta_1020186_nt6181_Genome_Tile_rc|1
ACACTGTTTTTTAATTCTAAAGGAGGACACAACCCTAGTTGGCTACCTGCATCTTTACAG
>HPV23_Beta_1020186_nt6501_Genome_Tile_rc|1
CAGTAGGAAAAATAAGTGAGTTTTCTAAAGTGTTTTGTTGGTCTGCAGGTAAATAATATT
>HPV23_Beta_1020186_nt6681_Genome_Tile_rc|1

ACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAAGTTTGTATTACGTGTATTAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6701_Genome_Tile_rc|1
TCTAATTTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCATTGGTAACACTGATACTAAA
>HPV23_Beta_1020186_nt6721_Genome_Tile_rc|1
TCAACATGTCTTGTAAACTCTCTAATTTTAGTGGCATCATACTTTTCTAAACTGCTGTCA
>HPV23_Beta_1020186_nt6741_Genome_Tile_rc|1
TAAAAGAAAGTTGGTATTCTTCAACATGTCTTGTAAACTCTCTAATTTTAGTGGCATCAT
>HPV23_Beta_1020186_nt6761_Genome_Tile_rc|1
TATCCTGCACAACCTGTAGTATAAAAAGAAAGTTGGTATTCTTCAACATGTCTTGTAAACTC
>HPV23_Beta_1020186_nt6781_Genome_Tile_rc|1
AAGACCTCGGCCTTTAAAGGTATCCTGCACAACCTGTAGTATAAAAAGAAAGTTGGTATTCT
>HPV23_Beta_1020186_nt7041_Genome_Tile_rc|1
GCACTCCAATTTGAAACAGAACTTACGGCCTAAGGGATATTGATCTAGGTCTAGAGACA
>HPV23_Beta_1020186_nt7061_Genome_Tile_rc|1
GGTACCGGACCGTACACGCTGCACTCCAATTTGAAACAGAACTTACGGCCTAAGGGATA
>HPV23_Beta_1020186_nt7101_Genome_Tile_rc|1
TTTTGACAGTTTGGTCACTTTTCGAGTTGCAGGCCGTTTGGTACCGGACCGTACACGCT
>HPV23_Beta_1020186_nt7141_Genome_Tile_rc|1
TTATTGGCGACCGATATCGGTTACAATTGCACTTTTTTCCTTTTGACAGTTTGGTCACT
>HPV22_Beta_1020178_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GAATACAGAATAGCAGCCCATCCTACTTAAATAATATGCAAGCAGTGCATAAATTACCAC
>HPV22_Beta_1020178_nt0181_Genome_Tile_rc|1
AGTGGTCTTTGCAAAGCCATGAATACAGAATAGCAGCCCATCCTACTTAAATAATATGCA
>HPV22_Beta_1020178_nt0301_Genome_Tile_rc|1
AAATTCTTATAATCAAATTGCCGCAATTCCAAATAGGTTAAAAACCTACTGCAGAATCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt0361_Genome_Tile_rc|1
GCGTAGGCACAGCCGCTGCAACATGCAAAACACAAAGTCCTCGTCTGTCCAAATTAATTGC
>HPV22_Beta_1020178_nt0481_Genome_Tile_rc|1
GACTTCAAGCAATATTGACATCTCATATAAATTTGGCCTACAGGTGCTTGTCTTCTTGC
>HPV22_Beta_1020178_nt0781_Genome_Tile_rc|1
TATATACAGCTTCAGCTTTGTATCACAACCCCCACAATATACTACAATCTTGTAAAGGAGT
>HPV22_Beta_1020178_nt0801_Genome_Tile_rc|1
ATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTTCAGCTTTGTATCACAACCCCCACAATAT
>HPV22_Beta_1020178_nt0821_Genome_Tile_rc|1
GAGATGTTTGAAAGTCGCGAATTCCAGAGAGAGTTGCTAGTATATACAGCTTCAGCTTTG
>HPV22_Beta_1020178_nt1401_Genome_Tile_rc|1
ATGCGTCTTTAAATTTTCCCAGCAATACTGCCTTTACATTGTTGCATCTTAACAAACTGG
>HPV22_Beta_1020178_nt1421_Genome_Tile_rc|1
CTCATTATAGCTCACTCCAAATGCGTCTTTAAATTTTCCCAGCAATACTGCCTTTACATT
>HPV22_Beta_1020178_nt1441_Genome_Tile_rc|1
CTTCTAAATTGTCTAGTCAGCTCATTATAGCTCACTCCAAATGCGTCTTTAAATTTTCCC
>HPV22_Beta_1020178_nt1461_Genome_Tile_rc|1
GCTTACAGCAAGTCTTATTACTTCTAAATTTGTCTAGTCAGCTCATTATAGCTCACTCCAA
>HPV22_Beta_1020178_nt1661_Genome_Tile_rc|1
AATATGATTCTCATTAACCTTGTAACATGGAAGATAACAATCGCATCACAGTTTCTCTACT
>HPV22_Beta_1020178_nt1681_Genome_Tile_rc|1
ATTTTTGGAGGTTCTGATAAAATATGATTCTCATTAACCTTGTAACATGGAAGATAACAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt1701_Genome_Tile_rc|1
AAGCAGCTATCATACTTCTGATTTTGGAGGTTCTGATAAAATATGATTCTCATTAACCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt1901_Genome_Tile_rc|1
ATCAGCCAATCTAGCATACTGGTATGCAATAGTACATTCATCAACATAATCTTGATCATA
>HPV22_Beta_1020178_nt2061_Genome_Tile_rc|1
GACCATCGCCTTCTATCTTTGATATACAATGATGTATCCATGCAGAAATTGACATATCTC
>HPV22_Beta_1020178_nt2141_Genome_Tile_rc|1
TAGAAATGTTCTAAATTTATCTAAAAACACTATAAAATTTAACCCCTTGGTATCGCAAAAA

>HPV22_Beta_1020178_nt2481_Genome_Tile_rc|1
AGGGAAATTTTTTTTCTTTTTTAACTAATGTTAGATGTTATAATAAGAGGTGGAAATT
>HPV22_Beta_1020178_nt2501_Genome_Tile_rc|1
ATATATTCTACTATGTAAATAGGGAAATTTTTTTTCTTTTTTAACTAATGTTAGATGT
>HPV22_Beta_1020178_nt2561_Genome_Tile_rc|1
AAGTTTAAACAGAGGTGTATCATTTGCGTCAAAGGGAAATTTGTTAGGAACTCAAATTC
>HPV22_Beta_1020178_nt3081_Genome_Tile_rc|1
TTCCCATGACTCATCATCAGTCTGATAATAAATGTATGACCACACTGTATAAGACATTAC
>HPV22_Beta_1020178_nt3161_Genome_Tile_rc|1
GTTTCAAATTTAATATAATAGGTTTTAAAGGTCCCTTCTATATAGTAAGCTCCTGTATAG
>HPV22_Beta_1020178_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TACCATATCGTTTAGCATCTGTTTCAAATTTAATATAATAGGTTTTAAAGGTCCCTTCTA
>HPV22_Beta_1020178_nt3601_Genome_Tile_rc|1
CCCCGTCAACAGACTCTCGTGTACGGGATCGCGACCTTGAGCGGGACCTGGTGAGGGGGC
>HPV22_Beta_1020178_nt3881_Genome_Tile_rc|1
TCTCTTTCCCTATCTGTATGAAATGATATTAGTATCCTAGAGCGCCCGATTCTATCGGTT
>HPV22_Beta_1020178_nt3921_Genome_Tile_rc|1
TTCTACACCTAAAGGAAGTTTCATTTGTTGCAAGCACTTCTCTCTTTCCCTATCTGTATG
>HPV22_Beta_1020178_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TCAAACCTGGCCATATGACCATTCTACACCTAAAGGAAGTTTCATTTGTTGCAAGCACTTC
>HPV22_Beta_1020178_nt4021_Genome_Tile_rc|1
CCATTTTGTTAGTAGCAAGCAAATAGGTTAGTATAAATAGGCAATGTTAGTGTGTAGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt4241_Genome_Tile_rc|1
CCTTGACCTAAAGGAATATAGCCTGTAGGACCACCGGTACCCTTACCTGTACTTATACCA
>HPV22_Beta_1020178_nt4481_Genome_Tile_rc|1
ACTAAAGGTGTGTCAAGTTCCACATTGTCTATTGGGACCGGATGTACTTCTGCAATAGTT
>HPV22_Beta_1020178_nt4521_Genome_Tile_rc|1
AGCATCAGTCACCTCCAAAATGGCGTGACGGTCCCCAGAACTAAAGGTGTGTCAAGTTC
>HPV22_Beta_1020178_nt4541_Genome_Tile_rc|1
GTGCGCCTAAAAGGGGGATTAGCATCAGTCACCTCCAAAATGGCGTGACGGTCCCCAGAA
>HPV22_Beta_1020178_nt4721_Genome_Tile_rc|1
TCAAACTATATCTAGAAGGAAAAGTATCCAATTCAATGCTTTTCATTAGCATCCCCTACC
>HPV22_Beta_1020178_nt4801_Genome_Tile_rc|1
CTCTTCTTAAAGTTCTAAATTCCTGACTGATTCTTTCAATTGGTGTACTAACTCTACGAG
>HPV22_Beta_1020178_nt4821_Genome_Tile_rc|1
TAATCTTCTGTTGTATAAGGCTCTTCTTAAAGTTCTAAATTCCTGACTGATTCTTTCAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt4861_Genome_Tile_rc|1
ATCGAATAAAACAAGGGGTCTCTTACTTGGACCTGTTCTGTTAATCTTCTGTTGTATAAGG
>HPV22_Beta_1020178_nt4881_Genome_Tile_rc|1
TCTCACAAGCCTGGACGGGGATCGAATAAAACAAGGGGTCTCTTACTTGGACCTGTTCTGT
>HPV22_Beta_1020178_nt5101_Genome_Tile_rc|1
GCACTCTAGCACCTACACGTGCGCCGCTGCGTGTGCTCAGCGATGCACGTTGCCCTAACC
>HPV22_Beta_1020178_nt5141_Genome_Tile_rc|1
GGCTCTTCTGCATTAATAGTGCTAATATCTGTAAAGAAATGCACTCTAGCACCTACACGT
>HPV22_Beta_1020178_nt5201_Genome_Tile_rc|1
AATGGTTCTTGTACTACAGAGCTGTCGCCAGAATGCTCACCTAATAATTCTAATTCAATG
>HPV22_Beta_1020178_nt5241_Genome_Tile_rc|1
AGGTATGTTGTCAATATTGACATCCAATATTGTGCTTTCAAATGGTTCTTGTACTACAGA
>HPV22_Beta_1020178_nt5281_Genome_Tile_rc|1
AGTCTACAGATGTTTCTGCTATGTTTGTATCCAACTTTTCAGGTATGTTGTCAATATTGA
>HPV22_Beta_1020178_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TAACAAATCAGCAGAATCATAGTCTACAGATGTTTCTGCTATGTTTGTATCCAACTTTTC
>HPV22_Beta_1020178_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TCCTCCACACCGTTGTCTAATAACAAATCAGCAGAATCATAGTCTACAGATGTTTCTGCT
>HPV22_Beta_1020178_nt5341_Genome_Tile_rc|1

CCAATTGTGACCTACTAAAGTCCTCCACACCGTTGTCTAATAACAAATCAGCAGAATCAT
>HPV22_Beta_1020178_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TCTATCTGAAGGACCTATTACCAATTGTGACCTACTAAAGTCCTCCACACCGTTGTCTAA
>HPV22_Beta_1020178_nt5381_Genome_Tile_rc|1
ACAGTAATAGATGGAAGTGATCTATCTGAAGGACCTATTACCAATTGTGACCTACTAAAG
>HPV22_Beta_1020178_nt5401_Genome_Tile_rc|1
TAGGGGATTCAAATTGTGGAACAGTAATAGATGGAAGTGATCTATCTGAAGGACCTATTA
>HPV22_Beta_1020178_nt5461_Genome_Tile_rc|1
CATATTTAGGATATACAACCTGTATTACCTCTATGTCTTGTATGTACACAATGGTTTCTC
>HPV22_Beta_1020178_nt5481_Genome_Tile_rc|1
TATAATAGTTGGCCTTTCTTCATATTTAGGATATACAACCTGTATTACCTCTATGTCTTG
>HPV22_Beta_1020178_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TAGGTGATTGAATTATAGCAGGCCCCGAGGGTGTAGGTAATATAATAGTTGGCCTTTCTT
>HPV22_Beta_1020178_nt5561_Genome_Tile_rc|1
CGCAAGCTAGGATGTAAATAATAGTCAAAGGAGGAATGTGTAGGTGATTGAATTATAGCA
>HPV22_Beta_1020178_nt5881_Genome_Tile_rc|1
ATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAAATTTGTTAGGATCTGGAAATGTTACTCTAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt5901_Genome_Tile_rc|1
ACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTCCCAAAGCAAATTTGTTAGGA
>HPV22_Beta_1020178_nt5921_Genome_Tile_rc|1
CTAACCTTTTACAAGCCATACTAATCTATACCTTTTCGGGATCATGGATTGTCATATCTC
>HPV22_Beta_1020178_nt6041_Genome_Tile_rc|1
CATTTCTTCTATCATCTGATGTTTCCTTCCTGGCGTTCAGTAGGGTTTTTCAGTATCATGTA
>HPV22_Beta_1020178_nt6441_Genome_Tile_rc|1
TGATCTTGTGTAAGTGCATCATCTGGTATAGCATCACCACAAGACCACCACGTACAAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt6501_Genome_Tile_rc|1
GTTGGAAAGTAAGTGGAGTTTTCTAAAGCAGTCTGTGAAGCTGCAGGCAAGTAATATTTA
>HPV22_Beta_1020178_nt6701_Genome_Tile_rc|1
TGATTTTTTTTAGCATCATAATTAAGTGGTGCCGTCACCTGCCACACTAATAGAAAAAT
>HPV22_Beta_1020178_nt6721_Genome_Tile_rc|1
CACATGGCGCATAAATCTCTGATTTTTTTTAGCATCATAATTAAGTGGTGCCGTCACCT
>HPV22_Beta_1020178_nt6761_Genome_Tile_rc|1
TTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAATTGGTATTCTTCCACATGGCGCATAAATCTC
>HPV22_Beta_1020178_nt6781_Genome_Tile_rc|1
TACCTCTGCTTCTAATGGTATTCTACATAGCTGCAAAATAAAGGATAATTGGTATTCTTC
>HPV22_Beta_1020178_nt7061_Genome_Tile_rc|1
CACTGGCCCTTGACGTTGTAACCCAGATTGAAATAAAAATTTACGACCCAGTGGATACT
>HPV22_Beta_1020178_nt7081_Genome_Tile_rc|1
ACGTTTCACACTGACCCTGGCACTGGCCCTTGACGTTGTAACCCAGATTGAAATAAAAA
>HPV22_Beta_1020178_nt7141_Genome_Tile_rc|1
AAACGGTTAAGAGGTAAGTTTCCTTCGTTTTACAGTTTTAGACGTTTTCCGCGTAGCAGA
>HPV21_Beta_1020170_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GTCTGTTGAAGAGTCAGCCATGAGTACTAGGGCATCTTCCCTAGTATGTATATATGAATA
>HPV21_Beta_1020170_nt0221_Genome_Tile_rc|1
GCTAGATGTATTTCTTCTTCTAAATGTCTACGCTTAGGAGAAGGACCTTCGTCAGCACT
>HPV21_Beta_1020170_nt0301_Genome_Tile_rc|1
GGTACTAAACAATCATCCAATGGTATCTCTAACAGATTGGCTAGGTCACGAATTGTAGCT
>HPV21_Beta_1020170_nt2181_Genome_Tile_rc|1
TTAATGCTGCTAGAAACATTATAAAATTTACTTGCTGATATCTAAGGAACCTTTGCTATAG
>HPV21_Beta_1020170_nt2901_Genome_Tile_rc|1
TTTAGCTCTTGATTCTGAAACTGCTAATGGAGGTACATATTGATATCCAAGCCGTGTCAC
>HPV21_Beta_1020170_nt2921_Genome_Tile_rc|1
AGCATCATCCCTATAGCCTGTTTAGCTCTTGATTCTGAAACTGCTAATGGAGGTACATAT
>HPV21_Beta_1020170_nt3621_Genome_Tile_rc|1
TCCGGATCTGAATCGGTATTGCGGCTGGTCAGACGATTGAGACCGGGACCGGGAATAGGA

>HPV21_Beta_1020170_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TTAGTATGTTAAAGGCTGCTATAGGCTATCAAAGGAACCATACGACCGGTCAACACCTTT
>HPV21_Beta_1020170_nt4281_Genome_Tile_rc|1
TAAAAATAAAAAAAAAAATATATAATCAAAAAGTGTTAATATGTTAGTAGCAGAGCTATAG
>HPV21_Beta_1020170_nt5101_Genome_Tile_rc|1
CAAACGCCTATTTGTGAGCCCGCCACCCCTTCTCCTTATAATATTTTGAATTCTTTGAAT
>HPV21_Beta_1020170_nt5121_Genome_Tile_rc|1
TCTACATTAACCTGTTGAACCAAACGCCTATTTGTGAGCCCGCCACCCCTTCTCCTTATA
>HPV21_Beta_1020170_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TGGATACAAACAAAGGATTCTCTACATTAACCTGTTGAACCAAACGCCTATTTGTGAGCC
>HPV21_Beta_1020170_nt5161_Genome_Tile_rc|1
CTGCACTAATCTAGAAGGCCTGGATACAAACAAAGGATTCTCTACATTAACCTGTTGAAC
>HPV21_Beta_1020170_nt5361_Genome_Tile_rc|1
GTTCTCTGAACGAGTACGAATAGTTCCTCGTTTACCAAGACGACTAACTCTCACGTAACCT
>HPV21_Beta_1020170_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GGACCTGAGAACCAATTTGTGTTCCCTGAACGAGTACGAATAGTTCCTCGTTTACCAAGAC
>HPV21_Beta_1020170_nt5641_Genome_Tile_rc|1
TGGAACAGTATAAGAAGAAGTGGAGCGGCGCCTCCAACCCTAATTGGGAACCACTAAA
>HPV21_Beta_1020170_nt5761_Genome_Tile_rc|1
TGGCAAATCTGGTGTGGATAGATTATATCTGTACTAGTGTCTCGATCTTCAGGATAGGC
>HPV21_Beta_1020170_nt5781_Genome_Tile_rc|1
AATGTGTGTATGATTACAACCTGGCAAATCTGGTGTGGATAGATTATATCTGTACTAGTG
>HPV21_Beta_1020170_nt5821_Genome_Tile_rc|1
GCTAAGACTCGGATGTAAGTAAAAATCACCGCTTGTATCAAATGTGTGTATGATTACAAC
>HPV21_Beta_1020170_nt5841_Genome_Tile_rc|1
CTTCTTCTCTTAAATTTTCTGCTAAGACTCGGATGTAAGTAAAAATCACCGCTTGTATCA
>HPV21_Beta_1020170_nt6441_Genome_Tile_rc|1
TCAATCGGAGGGCACGATCCTGGAGGTGGATTGTCAGTTGCACATGGGATAGCTTTATCC
>HPV21_Beta_1020170_nt6461_Genome_Tile_rc|1
GTATTGCTGAATTAATTAATTCAATCGGAGGGCACGATCCTGGAGGTGGATTGTCAGTTG
>HPV21_Beta_1020170_nt6961_Genome_Tile_rc|1
ATTCTCAGGATTTACTGAAATACTAAAGTTTGTGTTACGAGTGTGTTGTTCTACTACTGTAAC
>HPV21_Beta_1020170_nt6981_Genome_Tile_rc|1
TCAATTTTAGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAATACTAAAGTTTGTGTTACGA
>HPV21_Beta_1020170_nt7001_Genome_Tile_rc|1
AGCTCTCGGCTTTATAATTTTCAATTTTAGACACGTCTGCATTCTCAGGATTTACTGAAA
>HPV21_Beta_1020170_nt7661_Genome_Tile_rc|1
TTGAGTCCTTAGCGTGTTAGAACAAACGAGATGTGATCCAACCTCTGGCGCGCGTAGTATCT
>HPV20_Beta_1020162_nt0161_Genome_Tile_rc|1
TGAAGAAGGAGGTGTAGCCATGTGCCTGCACTCTCTGCATTAGCTCTATGATATCTGTCT
>HPV20_Beta_1020162_nt0201_Genome_Tile_rc|1
CCTCTCCAATATTAGATGGTCTTCATCAGCGCTGTCTTCTGAAGAAGGAGGTGTAGCCA
>HPV20_Beta_1020162_nt0221_Genome_Tile_rc|1
CTCTAAGATTGGAGGTTTTGCCTCTCCAATATTAGATGGTCTTCATCAGCGCTGTCTTC
>HPV20_Beta_1020162_nt0241_Genome_Tile_rc|1
ATTGTTGCAGGCAATGGTGGCTCTAAGATTGGAGGTTTTGCCTCTCCAATATTAGATGGT
>HPV20_Beta_1020162_nt0261_Genome_Tile_rc|1
AAAGTTTTGCTAGGCCACAGATTGTTGCAGGCAATGGTGGCTCTAAGATTGGAGGTTTTG
>HPV20_Beta_1020162_nt2301_Genome_Tile_rc|1
AGGACAATACCCCTTCCCTTTAACACATGTATCAATGACATAGTGAATGCAGATTTTCCAG
>HPV20_Beta_1020162_nt4761_Genome_Tile_rc|1
GGTGCTACCTCTAGAACTGCACTAGAACCACTGGTAGTAGATGTAACGGTGTATCAGTT
>HPV20_Beta_1020162_nt4781_Genome_Tile_rc|1
GAGCTGGAGGTGTTGGTTCTGGTGCTACCTCTAGAACTGCACTAGAACCACTGGTAGTAG
>HPV20_Beta_1020162_nt4801_Genome_Tile_rc|1

GGTGCGGCTGACTCTGACACGAGCTGGAGGTGTTGGTTCTGGTGCTACCTCTAGAACTGC
>HPV20_Beta_1020162_nt4821_Genome_Tile_rc|1
AATGATGGGTATGATACTGGGTGCGGCTGACTCTGACACGAGCTGGAGGTGTTGGTTCT
>HPV20_Beta_1020162_nt4881_Genome_Tile_rc|1
ACTATATGATCCGCTAATGAGCTTTCCCCCAATGTTGGTGTTGATTTCAGTTATTATTTGA
>HPV20_Beta_1020162_nt4921_Genome_Tile_rc|1
CATCCCCCAATTGCTTGGCCCCCAGAACCAGATGTCACCTACTATATGATCCGCTAATGA
>HPV20_Beta_1020162_nt4961_Genome_Tile_rc|1
ACCTTGATGGGAAATCCTGAAGCTCTATAAGTTCAGGTGTCATCCCCCAATTGCTTGGC
>HPV20_Beta_1020162_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CTGTTAGTAAGGCCTCCTCTACGCCTGAACACATTTTGAAGTCTTTCATAGGTGTGCTA
>HPV20_Beta_1020162_nt5081_Genome_Tile_rc|1
GCACTTGTTGAACATACTTCTGTTAGTAAGGCCTCCTCTACGCCTGAACACATTTTGAA
>HPV20_Beta_1020162_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TATCAAACCTGAAACCGGACCAATCTAGAAGGTTGTGTCAAAAATAATGGATTGTCTACAG
>HPV20_Beta_1020162_nt5241_Genome_Tile_rc|1
CCTAAACTCTGAACATCCAAAAAGTCTCTGTCTGGGGGCTCATTAAAAGTGTCTAAATCT
>HPV20_Beta_1020162_nt5341_Genome_Tile_rc|1
AGACCCTATTTGTGCTCCAGAACGAGTTCTGATAGTCCTTCGTTGACCTGCACGGCTGAC
>HPV20_Beta_1020162_nt5521_Genome_Tile_rc|1
TAAATCATCAGAATATGCACTGATTTCTGAAAGTGGGTTTTTCATCTACATTGATATCAAC
>HPV20_Beta_1020162_nt5621_Genome_Tile_rc|1
TAGTAGTTTTCAAAGTGAGGAACAGTGATGTAGATGTAGAACGCCTTCCCCCTACAACCTA
>HPV20_Beta_1020162_nt5641_Genome_Tile_rc|1
TACATAGTAAGAGCTAGATCTAGTAGTTTCAAAGTGAGGAACAGTGATGTAGATGTAGA
>HPV20_Beta_1020162_nt5661_Genome_Tile_rc|1
TAATACCCCTTTGTATCTTGTACATAGTAAGAGCTAGATCTAGTAGTTTCAAAGTGAGGA
>HPV20_Beta_1020162_nt5681_Genome_Tile_rc|1
TATCTTCAGGATATGCTACATAATACCCCTTTGTATCTTGTACATAGTAAGAGCTAGATC
>HPV20_Beta_1020162_nt5721_Genome_Tile_rc|1
AAATCTGGATTAGGATAAATAATGTCCTTACTAACATCTCTATCTTCAGGATATGCTACA
>HPV20_Beta_1020162_nt6041_Genome_Tile_rc|1
GATTTCCAGAAACCTTAGGGACTTTTATCTTAGTGCCTTGGATGTCATATATATTTAAAT
>HPV20_Beta_1020162_nt6261_Genome_Tile_rc|1
TCATCAGTTGAATTCCTTTTATATGAATTAGGGTTTTCTGTGTACCAAGTTTATTAAAT
>HPV20_Beta_1020162_nt6421_Genome_Tile_rc|1
TTGTATTGCTGTATTTTTTAATTCTATTGGAGGGCATGAACCTGGGTTTGGAACGTCGTC
>HPV20_Beta_1020162_nt6741_Genome_Tile_rc|1
TACATTGAATTACCTAGGTTGTTCTGTGCCTGATTATTCACAGGTGGAATGTAGAATGCA
>HPV20_Beta_1020162_nt6901_Genome_Tile_rc|1
TATGCTAAAAATTTGTATTTTCGAGTATTATCTACTACAGTAACAAATAGTTGATTGAACCA
>HPV20_Beta_1020162_nt6921_Genome_Tile_rc|1
GTGTTTTCTGAATGAACCTGATATGCTAAAAATTTGTATTTTCGAGTATTATCTACTACAGTA
>HPV20_Beta_1020162_nt6941_Genome_Tile_rc|1
TTTGAATTTTAGAAACATCAGTGTTTTCTGAATGAACCTGATATGCTAAAAATTTGTATTTTC
>HPV20_Beta_1020162_nt7261_Genome_Tile_rc|1
ATCCAATTCTAAGGATAATCTTTCTGATAGGTCAACATTCCAAAGTTTAGATCCTTGTA
>HPV20_Beta_1020162_nt7381_Genome_Tile_rc|1
TTGTTTGCCTTTTCGTTTGACGCCCCCTAGTAGATAACTTTGAAGATACAGTTTTTGTACC
>HPV20_Beta_1020162_nt7641_Genome_Tile_rc|1
GCGTTGGCAGCCTTACATTTCTCCTGTTCGGAACGTGTTGGGACGATGAAGTTTGAGCC
>HPV20_Beta_1020162_nt7681_Genome_Tile_rc|1
CGTTAACGGTCTTCTGCTGTGCCAAAAAGAAGAGCCAAAAGCGTTGGCAGCCTTACATTT
>HPV42_Alpha_333211_nt0181_Genome_Tile_rc|1
CCTCTGCGCCTGTAAAGTGCTTTTTTGCACCAAATGCAGGAAATCTGTAAATTCGCAATG

>HPV42_Alpha_333211_nt0201_Genome_Tile_rc|1
TTTAAATGGTACGCGAGCACCTCTGCGCCTGTTAAGTGCTTTTGCACCAAATGCAGGA
>HPV42_Alpha_333211_nt0221_Genome_Tile_rc|1
CTCCACACCACTACCAAATCTTTAAATGGTACGCGAGCACCTCTGCGCCTGTTAAGTGC
>HPV42_Alpha_333211_nt0401_Genome_Tile_rc|1
TTTTCGCTCTGTGATAACGGCTTTTGACACAAGGCACATCTAATTTGTTGTTCTTCTAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt0421_Genome_Tile_rc|1
CTGTATCAATATGATGGTTTTTTTCGCTCTGTGATAACGGCTTTTGACACAAGGCACATC
>HPV42_Alpha_333211_nt0441_Genome_Tile_rc|1
TATAAATTGAAATCTTGTACCTGTATCAATATGATGGTTTTTTTCGCTCTGTGATAACGG
>HPV42_Alpha_333211_nt0461_Genome_Tile_rc|1
CGACCCGTCCACTGACACAATATAAATTGAAATCTTGTACCTGTATCAATATGATGGTTT
>HPV42_Alpha_333211_nt0701_Genome_Tile_rc|1
GTTTCTTATGTCCGCCTCTGTACACTGCACAACGAGTTTAACAGACTTGTAACACTGTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt0941_Genome_Tile_rc|1
TATGTATTACTGTACTATTATCTACAAAATCCACAAGATCTAACCCACTATCGTCTACAT
>HPV42_Alpha_333211_nt0981_Genome_Tile_rc|1
TGTTGTTTATTTAATAAGGCTTGTGCATGTACCTGCTTTGTATGTATTACTGTACTATTA
>HPV42_Alpha_333211_nt1661_Genome_Tile_rc|1
GATTTGTAGGTATGTTTAATAATTTACTAAGGCCTTTGGACACTGTAGTACGATTTTTTTC
>HPV42_Alpha_333211_nt1681_Genome_Tile_rc|1
AGGTGGCTCTATTAATAATTGATTTGTAGGTATGTTTAATAATTTACTAAGGCCTTTGGA
>HPV42_Alpha_333211_nt1721_Genome_Tile_rc|1
ATCTAAACCAGTATATGGCGGCAGCCACACTTTGTAACCGAGGTGGCTCTATTAATAATT
>HPV42_Alpha_333211_nt2761_Genome_Tile_rc|1
GCCTCCATACGTAAACATTTCCAATGTTCAATATGTTTTTGTAATCCCTACTATTTTCC
>HPV42_Alpha_333211_nt2841_Genome_Tile_rc|1
CTCTACATGTTTCCAATGTTGGTACTATTTGATGTCCTATATTTGCAAAGCCCATTTTAC
>HPV42_Alpha_333211_nt3321_Genome_Tile_rc|1
GGTTTGTGGTGACACTTGTGTGACCACTTAGTAGATCCAGTAGAGGGTATCTCTGCGT
>HPV42_Alpha_333211_nt3401_Genome_Tile_rc|1
GGTTTGGATGGGCACGTTGTATGCTGTTCCGTCTGTACAGTCTGCGTGGTGGTTGTCAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt3441_Genome_Tile_rc|1
GCGACTGTCCACACTGTCTGTATCGTTTTTCGTGGCGGTGAGGTTTGGATGGGCACGTTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt3481_Genome_Tile_rc|1
CTGGGGATGCTGGGGTTTGAGTGCTGCAGGTGCTGTGATGGCGACTGTCCACACTGTCTG
>HPV42_Alpha_333211_nt3501_Genome_Tile_rc|1
CCACGGATGCGCTGGGGATGCTGGGGATGCTGGGGTTTGAGTGCTGCAGGTGCTGTGATG
>HPV42_Alpha_333211_nt3521_Genome_Tile_rc|1
GACCCACACAATCCAGGGTCCACGGATGCGCTGGGGATGCTGGGGATGCTGGGGTTTGA
>HPV42_Alpha_333211_nt3561_Genome_Tile_rc|1
AGTGGTTCGCTCGCTTGTACAGTTTTTCACTGTTAGTTCTGACCCACACAATCCAGGGT
>HPV42_Alpha_333211_nt3641_Genome_Tile_rc|1
TCTTTTTAGCCTAAATCGTAGGCATTTTAGGCAATTAGGGTCACCTTGTAATGAATTAC
>HPV42_Alpha_333211_nt3681_Genome_Tile_rc|1
GCCATGTAGATGACACCTGTGTAAATAAATGTGAACAATTTCTTTTTAGCCTAAATCGTA
>HPV42_Alpha_333211_nt3701_Genome_Tile_rc|1
ACAATCATTTTCTGTAAATGCCATGTAGATGACACCTGTGTAAATAAATGTGAACAATT
>HPV42_Alpha_333211_nt3761_Genome_Tile_rc|1
ATTTCTTTGTGCTTCATCATAATAATGTATTGTTATTATACCAGTTTTAGTGTACAGTGT
>HPV42_Alpha_333211_nt3781_Genome_Tile_rc|1
TTTACAGTATTTAAAAATAAATTTCTTTGTGCTTCATCATAATAATGTATTGTTATTATA
>HPV42_Alpha_333211_nt3841_Genome_Tile_rc|1
AATCATATAAACTGTAACATAGACATATATCCAATACAGGATTTTATCCCAGAAGGTATT
>HPV42_Alpha_333211_nt3861_Genome_Tile_rc|1

GTTTATACACATATACAACCTAATCATATAAACTGTAACATAGACATATATCCAATACAGG
>HPV42_Alpha_333211_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AGTATTGAAGTCCTATAACTGTTTATACACATATACAACCTAATCATATAAACTGTAACAT
>HPV42_Alpha_333211_nt3901_Genome_Tile_rc|1
CCCACACGTTGTGGAGTCACAGTATTGAAGTCCTATAACTGTTTATACACATATACAACCT
>HPV42_Alpha_333211_nt4041_Genome_Tile_rc|1
GATAATAGCACCAATGTTAGGTAGCTAGCAAGGCAAGAGGCCCATACAGGATATGGATAA
>HPV42_Alpha_333211_nt4081_Genome_Tile_rc|1
TAGAAAAAATAGTCAAAGTATGTTAGTACCTGCAACCATGATAATAGCACCAATGTTAG
>HPV42_Alpha_333211_nt4101_Genome_Tile_rc|1
ATACCAAGAATGATTAAACATAGAAAAAATAGTCAAAGTATGTTAGTACCTGCAACCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4121_Genome_Tile_rc|1
ATGTTAGTAAGACAGAAGGAATACCAAGAATGATTAAACATAGAAAAAATAGTCAAAGT
>HPV42_Alpha_333211_nt4201_Genome_Tile_rc|1
CAACCATGTACAAATCACATGCACACCACACACACACCTAACTAATATGTGTTATTG
>HPV42_Alpha_333211_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TGAAAATAGTAGCCAAACAATAATTGGTATTATATATGTACAACCATGTACAAATCACAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4261_Genome_Tile_rc|1
AACAGCAGTGTGGCTATAAATGAAAATAGTAGCCAAACAATAATTGGTATTATATATGTA
>HPV42_Alpha_333211_nt4281_Genome_Tile_rc|1
TTTGTAAATACCAATATGCAAACAGCAGTGTGGCTATAAATGAAAATAGTAGCCAAACAA
>HPV42_Alpha_333211_nt4301_Genome_Tile_rc|1
GTATGGTAACAGTTTTATATGTTTGTAATACCAATATGCAAACAGCAGTGTGGCTATAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt4341_Genome_Tile_rc|1
ACACAATATAACAAAAGTTTATTTACAGCACTGTATATACGTATGGTAACAGTTTATATG
>HPV42_Alpha_333211_nt4361_Genome_Tile_rc|1
TAATAGCACAAAAGAAGTACACACAATATAACAAAAGTTTATTTACAGCACTGTATATAC
>HPV42_Alpha_333211_nt4721_Genome_Tile_rc|1
CTGTTATTCCTGCATCAATAACTGATGACTCTTCTAATAAGGAAACAATAGAAGGATCAG
>HPV42_Alpha_333211_nt4741_Genome_Tile_rc|1
ATGAGAAGTAATATCAGGTACTGTTATTCCTGCATCAATAACTGATGACTCTTCTAATAA
>HPV42_Alpha_333211_nt4761_Genome_Tile_rc|1
GTAGTAATATTAAAACCTCCATGAGAAGTAATATCAGGTACTGTTATTCCTGCATCAATA
>HPV42_Alpha_333211_nt4801_Genome_Tile_rc|1
ATCTAATATAGCAGGCGTTGAGGCAGGCCACCAGTAGATGTAGTAATATTAAAACCTCC
>HPV42_Alpha_333211_nt4821_Genome_Tile_rc|1
GTATTAGTGGGAGGGGAGATATCTAATATAGCAGGCGTTGAGGCAGGCCACCAGTAGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4841_Genome_Tile_rc|1
TAGTTGTTGTGACACGTATAGTATTAGTGGGAGGGGAGATATCTAATATAGCAGGCGTTG
>HPV42_Alpha_333211_nt4861_Genome_Tile_rc|1
ATATAAAGGATTGGTAGATGTAGTTGTTGTGACACGTATAGTATTAGTGGGAGGGGAGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4921_Genome_Tile_rc|1
TATTAATAGGCGCCCATTAACCTCTGCTGGCAATGGCGGCTGCAATGTAAAAGGATCAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt4941_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGATGGTAGGAGTAGATATTAATAGGCGCCCATTAACCTCTGCTGGCAATGGCGGC
>HPV42_Alpha_333211_nt5021_Genome_Tile_rc|1
GAATGGGAGTACTAGTAAATGTGTTAGTTGTATCTGTAGATACAACAAACGTGTCCATTG
>HPV42_Alpha_333211_nt5041_Genome_Tile_rc|1
TGCAGACGACCGAGGGCCAGGAATGGGAGTACTAGTAAATGTGTTAGTTGTATCTGTAGA
>HPV42_Alpha_333211_nt5061_Genome_Tile_rc|1
CTAGAATATAACCCAGGCGTGACAGACCGAGGGCCAGGAATGGGAGTACTAGTAAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt5141_Genome_Tile_rc|1
AGGCTGGATTGTCATAAGTAACCAACCGTGCAGGAGATGTTAAAAATGCACTGGTAGTAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5181_Genome_Tile_rc|1
GGATGTTCAAATACTAATGTATCCTCCGTAAGTCCTTCATAGGCTGGATTGTCATAAGTA

>HPV42_Alpha_333211_nt5301_Genome_Tile_rc|1
TGCATAGACAGCCTTTGTCCAATTCTACTAACACGTACACTACCCTGTTTGGATGATAAC
>HPV42_Alpha_333211_nt5321_Genome_Tile_rc|1
AACGGGTCCCGCGACGTGTCTGCATAGACAGCCTTTGTCCAATTCTACTAACACGTACAC
>HPV42_Alpha_333211_nt5381_Genome_Tile_rc|1
TAGTTTCTGAAGAGTGTGTAATAGGGCTAAGGTCATGAAAAAGTGTACACGTGACCCAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5401_Genome_Tile_rc|1
AGATAAAGGCTGTAATTCAATAGTTTCTGAAGAGTGTGTAATAGGGCTAAGGTCATGAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5421_Genome_Tile_rc|1
GCTGCAGATACTGAAGAAGCAGATAAAGGCTGTAATTCATAGTTTCTGAAGAGTGTGTA
>HPV42_Alpha_333211_nt5461_Genome_Tile_rc|1
ATCAACATAAATATCAAATAACCCATCATTAATATTGGAGGCTGCAGATACTGAAGAAGC
>HPV42_Alpha_333211_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GTAACATTTACATCACTAGTATCAACATAAATATCAAATAACCCATCATTAATATTGGAG
>HPV42_Alpha_333211_nt5501_Genome_Tile_rc|1
GTATAGAGGAAGTGGTATTTGTAACATTTACATCACTAGTATCAACATAAATATCAAATA
>HPV42_Alpha_333211_nt5521_Genome_Tile_rc|1
GGTAGCAAAACCATGCATAGGTATAGAGGAAGTGGTATTTGTAACATTTACATCACTAGT
>HPV42_Alpha_333211_nt5541_Genome_Tile_rc|1
GATGTAGTGGACAAACGGGGGGTAGCAAAACCATGCATAGGTATAGAGGAAGTGGTATTT
>HPV42_Alpha_333211_nt5561_Genome_Tile_rc|1
TGCTAGGTAAATGTAGGGAAAGATGTAGTGGACAAACGGGGGGTAGCAAAACCATGCATAG
>HPV42_Alpha_333211_nt5601_Genome_Tile_rc|1
AACGAAAAAGGTATGGTGGTATTGGCAGAATGTGTAGACATGCTAGGTAAATGTAGGGAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt5641_Genome_Tile_rc|1
CACAACAGATAAATCAGGGCCCACATGCACAGTGGCAGGAAACGAAAAAGGTATGGTGGT
>HPV42_Alpha_333211_nt5681_Genome_Tile_rc|1
GAGGCATTACAGACGTTGGGGTACTGTCCCATGGGTGGTCCACAACAGATAAATCAGGGC
>HPV42_Alpha_333211_nt7301_Genome_Tile_rc|1
CATTACTACATACATCTATTTGTGTGTTTCTTACGTTTAGCTGAAGAAACAGATTTAGC
>HPV42_Alpha_333211_nt7321_Genome_Tile_rc|1
AACATAAATATGTATCATAACATTACTACATACATCTATTTGTGTGTTTCTTACGTTTA
>HPV42_Alpha_333211_nt7481_Genome_Tile_rc|1
AGTGAATAGGTTTGCAAATGTTAGGAAACATGGCCAATGCACCTGGTAACAGGCCAGAT
>HPV42_Alpha_333211_nt7501_Genome_Tile_rc|1
TTGCATTTATAAATTTAAAAAGTGAATAGGTTTGCAAATGTTAGGAAACATGGCCAATG
>HPV42_Alpha_333211_nt7521_Genome_Tile_rc|1
AAAACAGTTGGCAGCACATATTGCATTTATAAATTTAAAAAGTGAATAGGTTTGCAAAT
>HPV42_Alpha_333211_nt7541_Genome_Tile_rc|1
TGGCAGAACATACGTGCCATAAAACAGTTGGCAGCACATATTGCATTTATAAATTTAAAA
>HPV42_Alpha_333211_nt7581_Genome_Tile_rc|1
AAGGCGTGTGTGTTATGTAAAGGAATTAGGGAGTGTACGTTGGCAGAACATACGTGCCAT
>HPV42_Alpha_333211_nt7601_Genome_Tile_rc|1
TTTGTGCACATGCCTGTGCAAAGGCGTGTGTGTTATGTAAAGGAATTAGGGAGTGTACGT
>HPV42_Alpha_333211_nt7781_Genome_Tile_rc|1
TGTC AACAGTGACAAATAACTTTACTTGT TTAAGCCAAGGTAAC TTGTAAATGTGTATGC
>HPV42_Alpha_333211_nt7801_Genome_Tile_rc|1
AATTATATATATGAGTAATGTGTCAACAGTGACAAATAACTTTACTTGT TTAAGCCAAGG
>HPV33_Alpha_333049_nt0141_Genome_Tile_rc|1
ACGCACTGTAGTTCAATGTTGTGTATAGTTGTCTCCAATGCTTGGCACAAATCATGCAAT
>HPV33_Alpha_333049_nt0261_Genome_Tile_rc|1
GATAAGAACCGCAAACACAGTTTACATATTCCAAATGGATTTCCCTCTCTATATACAACCT
>HPV33_Alpha_333049_nt0281_Genome_Tile_rc|1
GTCTATATTCACTAATTTTAGATAAGAACCGCAAACACAGTTTACATATTCCAAATGGAT
>HPV33_Alpha_333049_nt0541_Genome_Tile_rc|1

CCTTTAACGTTGGCTTGTGTCTCTCATGGCGTTTTTACACGTCACAGTGCAGTTTCTCT
>HPV33_Alpha_333049_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TTTTACAGCTATCTACATTTGTCTCACAGCTTACTTCTGAATCATCCCCACCCCACTA
>HPV33_Alpha_333049_nt1401_Genome_Tile_rc|1
ACTACTATGTAGAACATTACTAATTTCTGCAACGTAACATTTTACAGCTATCTACATT
>HPV33_Alpha_333049_nt1421_Genome_Tile_rc|1
AATATATTTGCTTTTGTATTACTACTATGTAGAACATTACTAATTTCTGCAACGTAACA
>HPV33_Alpha_333049_nt1621_Genome_Tile_rc|1
TTATTATTCCTCTATCGCAAGTTAAACATTGTAAATGAGTATACAAACTATGCTGTTTAA
>HPV33_Alpha_333049_nt3161_Genome_Tile_rc|1
ACATACCTATATAATCTACTTTCCCTGTAACCATAGTACATGTATCTTCCCTCTATAATAT
>HPV33_Alpha_333049_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TTCACAGTTATGTATATAATACATACCTATATAATCTACTTTCCCTGTAACCATAGTACA
>HPV33_Alpha_333049_nt3461_Genome_Tile_rc|1
CAGTACGTGCTGTTCTATTGTCCAAGGCGGGTCTGCACAGAACAGCTTTGTAAGGGGCT
>HPV33_Alpha_333049_nt3501_Genome_Tile_rc|1
GAACTACACACAGTCCGCTGCTTGTGTGTCAGTTAGTTGCAGTACGTGCTGTTCTATTG
>HPV33_Alpha_333049_nt3701_Genome_Tile_rc|1
CGGTACCTAAAAACATTTGTTGTTGCTGTTTCAGTTACAAATGTTACAGTTACAATTCCAT
>HPV33_Alpha_333049_nt3841_Genome_Tile_rc|1
GATAAGCATAAAAAACAATATAAAACATAATACAAAAACAATATCATGGTTATATACAAT
>HPV33_Alpha_333049_nt3861_Genome_Tile_rc|1
TTAAAGGACGTAATAATAAGGATAAGCATAAAAAACAATATAAAACATAATACAAAAACAA
>HPV33_Alpha_333049_nt3881_Genome_Tile_rc|1
ATAGGTAGAAATGGAAAGTATTAAAGGACGTAATAATAAGGATAAGCATAAAAAACAATAT
>HPV33_Alpha_333049_nt3961_Genome_Tile_rc|1
AACAAACAAATAGCAAAAAAAATTTTTAAAGGAGATCCCACAAACACCCAAAGCAGCAAT
>HPV33_Alpha_333049_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AAAAAACTAAAATAACAACAACAATGTTAAACACCACCATGTGCACATATATACAAACA
>HPV33_Alpha_333049_nt4141_Genome_Tile_rc|1
CTGCTAAAAATATAAAGGTATTTATTAGTAATACAAAAAATAAACTAAAATAACAACA
>HPV33_Alpha_333049_nt4161_Genome_Tile_rc|1
TTGTGTCTCATAATAATACACTGCTAAAATATAAAGGTATTTATTAGTAATACAAAAAA
>HPV33_Alpha_333049_nt4401_Genome_Tile_rc|1
GGGATTGCAGCTGTAGGTGGGTCAGTACCAATAGGTACATAGCCAGTCCTTCCACCTGAA
>HPV33_Alpha_333049_nt4421_Genome_Tile_rc|1
GAGGACGTATAGGCTGCAAGGGGATTGCAGCTGTAGGTGGGTCAGTACCAATAGGTACAT
>HPV33_Alpha_333049_nt4441_Genome_Tile_rc|1
AACAGTGTCTACAGTAACCGGAGGACGTATAGGCTGCAAGGGGATTGCAGCTGTAGGTGG
>HPV33_Alpha_333049_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GGTGTGGTCTAAAGGCACAATAGGACTTAAATCCTGATAATAATGTATTCTAGCTCCAAT
>HPV33_Alpha_333049_nt5181_Genome_Tile_rc|1
TCATATTGTTTCATTTGGCAGGTGTGGTCTAAAGGCACAATAGGACTTAAATCCTGATAA
>HPV33_Alpha_333049_nt5201_Genome_Tile_rc|1
TATCATGTAAAGGCTGTAATTCATATTGTTTCATTTGGCAGGTGTGGTCTAAAGGCACAA
>HPV33_Alpha_333049_nt5221_Genome_Tile_rc|1
ACTATAAGACGATGTAGAAGTATCATGTAAAGGCTGTAATTCATATTGTTTCATTTGGCAC
>HPV33_Alpha_333049_nt5321_Genome_Tile_rc|1
TGCTGGTACGTGTTGTTGCAACGTAAGTGTATGAGTGTGTCATTGGGGTGTGTACATTAT
>HPV33_Alpha_333049_nt5381_Genome_Tile_rc|1
GTATATCAGGGCCAGACATAACAGGAGTATCAAATCCTGTATTTAAAGGTATAGACACAT
>HPV33_Alpha_333049_nt5401_Genome_Tile_rc|1
TGTGGGAAATAAAGGGGAAGGTATATCAGGGCCAGACATAACAGGAGTATCAAATCCTGT
>HPV33_Alpha_333049_nt5461_Genome_Tile_rc|1
ACCGTCTACAACAATGGTGTCAAAAGGAAAAAAGGCGAAATAGGAACAAATGGGCTAGA

>HPV33_Alpha_333049_nt5481_Genome_Tile_rc|1
GGATGTAAAACAAAGTCAGCACCGTCTACAACAATGGTGTCAAAAGGAAAAAAGGCGAA
>HPV33_Alpha_333049_nt5721_Genome_Tile_rc|1
CCAATAATTTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTAAATAGAAAAATATGGATGGCCAACAGCAA
>HPV33_Alpha_333049_nt5741_Genome_Tile_rc|1
CAAGCCTGATACTTTGGGTACCAATAATTTTTTAGCGTTAGTAGGATTTTAAATAGAAAA
>HPV33_Alpha_333049_nt6401_Genome_Tile_rc|1
ACTGCTTTGAATAGAGGCAGTAGTTCTTGAACCTTTAATGTACAGGTCATCGGGAACAGC
>HPV33_Alpha_333049_nt7121_Genome_Tile_rc|1
TACACAAAAACAAACAACAACAACAACAACAAGTACATAGACAGAACAAAAAC
>HPV33_Alpha_333049_nt7141_Genome_Tile_rc|1
ATAACATACATTGTAACACATACACAAAAACAAACAACAACAACAACAACAACA
>HPV33_Alpha_333049_nt7281_Genome_Tile_rc|1
CCCATATACATAACATACATACAAATAGTTTAAACAATACACACAATGTTTTATTAACAT
>HPV33_Alpha_333049_nt7321_Genome_Tile_rc|1
GGTAGGGCAAGCAATACAACCTCCTTACTCATATAGGTACACCCATATACATAACATACAT
>HPV33_Alpha_333049_nt7341_Genome_Tile_rc|1
GTAGGTACATTGCAATGCAGGGTAGGGCAAGCAATACAACCTCCTTACTCATATAGGTACA
>HPV33_Alpha_333049_nt7361_Genome_Tile_rc|1
ACAAATATAGGGAAATAAAGGTAGGTACATTGCAATGCAGGGTAGGGCAAGCAATACAAC
>HPV33_Alpha_333049_nt7381_Genome_Tile_rc|1
ATACTAAACATGTAGGTACTACAAATATAGGGAAATAAAGGTAGGTACATTGCAATGCAG
>HPV33_Alpha_333049_nt7401_Genome_Tile_rc|1
GTATGTCAAAAAGGTAAAGCAATACTAAACATGTAGGTACTACAAATATAGGGAAATAAAG
>HPV33_Alpha_333049_nt7421_Genome_Tile_rc|1
ATTGTACAATATGGACACTAGTATGTCAAAAGGTAAAGCAATACTAAACATGTAGGTACT
>HPV33_Alpha_333049_nt7441_Genome_Tile_rc|1
AGGCATACAAAATGGAGGAAATTGTACAATATGGACACTAGTATGTCAAAAGGTAAAGCA
>HPV33_Alpha_333049_nt7521_Genome_Tile_rc|1
CAAACACAGTGCAGGAAAGAAAAGGATTAACCTGTTCTGCCAATGTCATAGGGTATGTATG
>HPV33_Alpha_333049_nt7561_Genome_Tile_rc|1
CAATGTCATAGGGTATGTATGCCAATGCAGCAAGTACAGACAAACACAGTGCAGGAAAGA
>HPV33_Alpha_333049_nt7601_Genome_Tile_rc|1
ACAAACACAGTGCAGGAAAGAAAAGGATTAACCTGTTCTGCCAATGTCATAGGGTATGTAT
>HPV31_Alpha_333048_nt0081_Genome_Tile_rc|1
TTTCCGAGGTCTTTCTGCAGGATTTTTGAACATGGCGTCTGTAGGTTTGCACAAAATACT
>HPV31_Alpha_333048_nt0101_Genome_Tile_rc|1
GCCGAGCTTAGTTCATGCAATTTCCGAGGTCTTTCTGCAGGATTTTTGAACATGGCGTCT
>HPV31_Alpha_333048_nt0121_Genome_Tile_rc|1
CATCGTAGGGTATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCATGCAATTTCCGAGGTCTTTCTGCAG
>HPV31_Alpha_333048_nt0141_Genome_Tile_rc|1
GACACAATTCAATCTTAGTTCATCGTAGGGTATTTCCAATGCCGAGCTTAGTTCATGCAA
>HPV31_Alpha_333048_nt0161_Genome_Tile_rc|1
GTTAACCTGACCTTTGCAGTAGACACAATTCAATCTTAGTTCATCGTAGGGTATTTCCAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt0181_Genome_Tile_rc|1
AATCTAATACCTCTGTTTCTGTAACTGACCTTTGCAGTAGACACAATTCAATCTTAGTT
>HPV31_Alpha_333048_nt0441_Genome_Tile_rc|1
CCTTCCTCCTATGTTGTGGAATCGTTTCTTTTATCCAAATGTCTTTGTTTTCTTCTGG
>HPV31_Alpha_333048_nt0461_Genome_Tile_rc|1
GCTATGCAACGTCCTGTCCACCTTCTCCTATGTTGTGGAATCGTTTCTTTTATCCAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt0481_Genome_Tile_rc|1
TACGAGGTCTTCTCCAACATGCTATGCAACGTCCTGTCCACCTTCTCCTATGTTGTGGA
>HPV31_Alpha_333048_nt0501_Genome_Tile_rc|1
TGTTTACACTTGGGTTTTCAGTACGAGGTCTTCTCCAACATGCTATGCAACGTCCTGTCCA
>HPV31_Alpha_333048_nt0701_Genome_Tile_rc|1

CAAACGAAGTGTAGACTTACACTGACAACAAAAGGTAACGATATTGTAATTGGATGTGTC
>HPV31_Alpha_333048_nt0741_Genome_Tile_rc|1
CTTGCAATATGCGAATATCTACTTGTGTGCTCTGTACACACAAACGAAGTGTAGACTTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt0981_Genome_Tile_rc|1
TGATTGTTGTATACATTACAATTGTCAATAAAGTCAACCATATCCTCCCCAGTATCACTA
>HPV31_Alpha_333048_nt1161_Genome_Tile_rc|1
GTTTTACTGTTATTTTCTATGCATATAGCTTTTAACCGTGGACTAATATTATAATCCACA
>HPV31_Alpha_333048_nt1281_Genome_Tile_rc|1
CCGTCACTACCATTACAACCTTAATGTTGTTGTTGCTCCTCTACCTGTACCATCTGCTGC
>HPV31_Alpha_333048_nt1301_Genome_Tile_rc|1
TCTCTCGTTCCTACTATGTGTCCCGTCACTACCATTACAACCTTAATGTTGTTTGTGCTCCT
>HPV31_Alpha_333048_nt1321_Genome_Tile_rc|1
ATTACGTGTTGGAGTTTCATTCTCTCGTTCCTACTATGTGTCCCGTCACTACCATTACAAC
>HPV31_Alpha_333048_nt1341_Genome_Tile_rc|1
GTTTTTAACTTGCATATATTACGTGTTGGAGTTTCATTCTCTCGTTCCTACTATGTGTC
>HPV31_Alpha_333048_nt1361_Genome_Tile_rc|1
TAGCAGCTTTACCATTGCTAGTTTTTAACTTGCAATATATTACGTGTTGGAGTTTCAT
>HPV31_Alpha_333048_nt1461_Genome_Tile_rc|1
GCAGCTACACACCAATCAGTACATGTGCTTTTATTGCTTTGAAATGGCCTAATTAGTTCC
>HPV31_Alpha_333048_nt1581_Genome_Tile_rc|1
CTCACAAGCATTAACATAACCATGCCCCAGGAACATGCTAAACTTTGTAAATGGCAATAC
>HPV31_Alpha_333048_nt1681_Genome_Tile_rc|1
ACGTAATTTGGGTGGCTGAATTAACATACAATTTGTAGATATACACAATAATTTTTCTAA
>HPV31_Alpha_333048_nt2381_Genome_Tile_rc|1
TAGATACAGGGTTGCCATCTAGTGCATTTTCGTAGGTAATTGTCTATATAATGCCAACATG
>HPV31_Alpha_333048_nt2461_Genome_Tile_rc|1
ATCCTTACCTGCATTTATATTAGATGTAATCAATAAAGGAGGACATTTTAACTGCATTAA
>HPV31_Alpha_333048_nt2761_Genome_Tile_rc|1
ATTAATACACATTCAAGTCGAATATGTTTCCAATAGTCTATATGATCACAAAGTCGTTTA
>HPV31_Alpha_333048_nt2901_Genome_Tile_rc|1
CATTTTTGTATTTCAGTGTTATTTAATGTTTCCAACATCATTTGTAGTTCAATAGCTTGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt2921_Genome_Tile_rc|1
TTGCTGCATTGTCCAGTCCTCATTTTTGTATTTCAGTGTTATTTAATGTTTCCAACATCAT
>HPV31_Alpha_333048_nt2941_Genome_Tile_rc|1
AAATACAGTTCAAGACTTGTTTGTGCTGCATTGTCCAGTCCTCATTTTTGTATTTCAGTGTTA
>HPV31_Alpha_333048_nt3021_Genome_Tile_rc|1
GCATGGTGTTGTGTACATCACCATCAAATTCACCTCTACAGTATATCCATGTTTTTTTA
>HPV31_Alpha_333048_nt3101_Genome_Tile_rc|1
GCCCTTACAATTAACCTGCCCTTCCACAACAGTACATTGGCCATCTATACATAGGTATAT
>HPV31_Alpha_333048_nt3121_Genome_Tile_rc|1
CCTTCATGTACATAATAAATGCCCTTACAATTAACCTTGCCCTTCCACAACAGTACATTGG
>HPV31_Alpha_333048_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TTACAAAATATGTTATATGTCCTTCATGTACATAATAAATGCCCTTACAATTAACCTGCC
>HPV31_Alpha_333048_nt3161_Genome_Tile_rc|1
TTTTGCCTCTTCTGTAAAATTTACAAAATATGTTATATGTCCTTCATGTACATAATAAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt3181_Genome_Tile_rc|1
TTTTTACCAGTCCCATATTTTTTGCCTCTCTGTAAAATTTACAAAATATGTTATATGT
>HPV31_Alpha_333048_nt3301_Genome_Tile_rc|1
GATGTGGTGTTGTTGGCTGTTGGTAGCTTTGTAACAATCCCAGCAAAGGATATTTTCG
>HPV31_Alpha_333048_nt3481_Genome_Tile_rc|1
TGGTTTGTGCATGCAGCTGCACTGATAACCCACAGTTGACACTGTCCACGGAGTCGCCT
>HPV31_Alpha_333048_nt3501_Genome_Tile_rc|1
GACAACTGACAGCCCTTGTGTTGGTTTGTGCATGCAGCTGCACTGATAACCCACAGTTGA
>HPV31_Alpha_333048_nt3781_Genome_Tile_rc|1
CTGTAGAAAATATTTAGTTCAATCATTAGGCTAAATAGTCATATATCCTGTTGACACTGAT

>HPV31_Alpha_333048_nt3881_Genome_Tile_rc|1
AGTGTTCATATACCGACACAGACAGCACAAGTGGACGTATGACAAGACACACAAATAGT
>HPV31_Alpha_333048_nt3901_Genome_Tile_rc|1
AAATCACAAATTAATAATAGTAGTGTTCATATACCGACACAGACAGCACAAGTGGACGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt3921_Genome_Tile_rc|1
AGAGGTTGCAATAACCCATAAAATCACAATTAATAATAGTAGTGTTCATATACCGACAC
>HPV31_Alpha_333048_nt3941_Genome_Tile_rc|1
ATACAAAAACAACGTAATGGAGAGGTTGCAATAACCCATAAAATCACAATTAATAATAGT
>HPV31_Alpha_333048_nt4001_Genome_Tile_rc|1
CTTAAAAAAGATGCATGTGTATGAATTACAAATAATGGAATATATATAAACACAACATAT
>HPV31_Alpha_333048_nt4021_Genome_Tile_rc|1
AGTAAAAAAGTTACTGTTGACTTAAAAAAGATGCATGTGTATGAATTACAAATAATGGAA
>HPV31_Alpha_333048_nt4041_Genome_Tile_rc|1
TACAAACAACAGTATACACAAGTAAAAAAGTTACTGTTGACTTAAAAAAGATGCATGTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt4101_Genome_Tile_rc|1
AAAAAAAAGTAAAAAAGTTTATTATACCAATACCAATACCAATACCAATACCAATACCAA
>HPV31_Alpha_333048_nt4141_Genome_Tile_rc|1
AGTGCGTTTTGTAGAGCGTTTGGACCGCATGGTAATAATAAAAAAAGTAAAAAAGTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt4241_Genome_Tile_rc|1
GGTCTGCAATGGTAGTATGTTCTATTTTAGGTATAACGTCTGATGGACAAGTACCTGCTG
>HPV31_Alpha_333048_nt4261_Genome_Tile_rc|1
ACTACCATACCTTAATATTTGGTCTGCAATGGTAGTATGTTCTATTTTAGGTATAACGTC
>HPV31_Alpha_333048_nt4361_Genome_Tile_rc|1
CAGATACTGTAGAAGGACGTGTACTAAGAGGGACATATCCAGTGCGACCCCCAGTACCAG
>HPV31_Alpha_333048_nt4381_Genome_Tile_rc|1
TCTAATAGGTATACTTGCCTCAGATACTGTAGAAGGACGTGTACTAAGAGGGACATATCC
>HPV31_Alpha_333048_nt4401_Genome_Tile_rc|1
GGGTCAATGCTAACTGGTGGTCTAATAGGTATACTTGCCTCAGATACTGTAGAAGGACGT
>HPV31_Alpha_333048_nt4441_Genome_Tile_rc|1
TTCAACAAGACTTACTATAGAGGGGTCCAAGGGACCTACAGGGTCAATGCTAACTGGTGG
>HPV31_Alpha_333048_nt4481_Genome_Tile_rc|1
GTATAGGAGCAGGGGCACCAACATCAACAATTCCAGATTCTTCAACAAGACTTACTATAG
>HPV31_Alpha_333048_nt4501_Genome_Tile_rc|1
AGATGTTGTAGGAGGTGTGGTATAGGAGCAGGGGCACCAACATCAACAATTCCAGATTCC
>HPV31_Alpha_333048_nt4561_Genome_Tile_rc|1
AACACTTGTTACATCTAAAATTGCAGGTGTTGTGTCTGCAGTTGTAGCAATGTCAAACCC
>HPV31_Alpha_333048_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GCTGTTTTTGGAGCACTAAGAAACGTTGGATCAATAACTTTTACTTGTGTGTAGCCTTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt4861_Genome_Tile_rc|1
AGGGTTTTTCATATGTAATTAGCTGTTTTGGAGCACTAAGAAACGTTGGATCAATAACTTT
>HPV31_Alpha_333048_nt4881_Genome_Tile_rc|1
GCATTTACAGTTTCATAGGCAGGGTTTTTCATATGTAATTAGCTGTTTTGGAGCACTAAGA
>HPV31_Alpha_333048_nt4901_Genome_Tile_rc|1
AAAAGTATAAAGATTCTTCAGCATTTACAGTTTCATAGGCAGGGTTTTTCATATGTAATTA
>HPV31_Alpha_333048_nt4921_Genome_Tile_rc|1
TATATTATGCGATGTATTGGAAAAGTATAAAGATTCTTCAGCATTTACAGTTTCATAGGC
>HPV31_Alpha_333048_nt4941_Genome_Tile_rc|1
AGAAAGTCGGGATCAGGGGCTATATTATGCGATGTATTGGAAAAGTATAAAGATTCTTCA
>HPV31_Alpha_333048_nt5141_Genome_Tile_rc|1
TAGTTGCAGACGCCCTAAAGGTTGCATTTCATACTTTTCACCTGCAGGATTAATACTAC
>HPV31_Alpha_333048_nt5161_Genome_Tile_rc|1
ATCATTTAAAGTAGAAGTAGTAGTTGCAGACGCCCTAAAGGTTGCATTTCATACTTTTC
>HPV31_Alpha_333048_nt5201_Genome_Tile_rc|1
CCACAGTAAAAATCAGTGTCTGCATAAATGTCATATAAGCCATCATTTAAAGTAGAAGTAG
>HPV31_Alpha_333048_nt5221_Genome_Tile_rc|1

ATTATGTGTGGCAGGTGTATCCACAGTAAAATCAGTGTCTGCATAAAATGTCATATAAGCC
>HPV31_Alpha_333048_nt5241_Genome_Tile_rc|1
ACAGCAGTAGAAGGGGAAACATTATGTGTGGCAGGTGTATCCACAGTAAAATCAGTGTCT
>HPV31_Alpha_333048_nt5361_Genome_Tile_rc|1
TGTGTAGGTGCATGCTCTATAGGTACATCAGGCCAGAAAATATGGGAATGTCAAAACCT
>HPV31_Alpha_333048_nt5401_Genome_Tile_rc|1
CACTTGTGGCGTTGTAGGGGCCAAAGGAAATGGGAAAACCTGTGTAGGTGCATGCTCTAT
>HPV31_Alpha_333048_nt5421_Genome_Tile_rc|1
CCCCCATCAACAAAAATAGACACTTGTGGCGTTGTAGGGGCCAAAGGAAATGGGAAAACC
>HPV31_Alpha_333048_nt5681_Genome_Tile_rc|1
TACAACTATTTTTTTTAGGATTGTCAGATTTAGGTATGGAATAATATGGATGGCCTACTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt5941_Genome_Tile_rc|1
ATTGATATACATTCCCTATTATCAGTGCCAGGACCACCGGCATATCTATTAGAGTTTTCA
>HPV31_Alpha_333048_nt6041_Genome_Tile_rc|1
AGGGGTAATAGCATTGTTACTACAAGGACTACCTTTACCCCAATGCTCTCCAATAGGTGG
>HPV31_Alpha_333048_nt6061_Genome_Tile_rc|1
TCTAATGGAGGACAATCACCAGGGGTAATAGCATTGTTACTACAAGGACTACCTTTACCC
>HPV31_Alpha_333048_nt6381_Genome_Tile_rc|1
TAGGTGTAGGAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGTTGAACCGGAGCCTTTAATAT
>HPV31_Alpha_333048_nt6401_Genome_Tile_rc|1
TGAAGTAACCATGGAGCCGCTAGGTGTAGGAAAGTATGTACTGTTAGCTAAAGTAGCTGT
>HPV31_Alpha_333048_nt6941_Genome_Tile_rc|1
TGCTTTAAATTTAGGACGTGCCCTATATCCTGCCTGTAATAAAAAATTTGCGACCCAGTGG
>HPV31_Alpha_333048_nt7001_Genome_Tile_rc|1
TTTAGTTTTTTTTACGTTTTTGCTGGTGTAGTGGTAGATGCTGAGGGTGCCTACTGTTTACC
>HPV31_Alpha_333048_nt7041_Genome_Tile_rc|1
ACACATACAGACACATGTATTACATACACATCCATTACTTTTTTAGTTTTTTTTACGTTTTG
>HPV31_Alpha_333048_nt7061_Genome_Tile_rc|1
ACAATACAGCACAAGCACATACACATACAGACACATGTATTACATACACATCCATTACTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7121_Genome_Tile_rc|1
AAGTACACACGCATACATAAACATACATATACCATATATAACACACAAACACACACATAT
>HPV31_Alpha_333048_nt7141_Genome_Tile_rc|1
AACATACTATACATATATACAAGTACACACGCATACATAAACATACATATACCATATATA
>HPV31_Alpha_333048_nt7161_Genome_Tile_rc|1
CATAGCATACATACACATAACATACTATACATATATACAAGTACACACGCATACATAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7241_Genome_Tile_rc|1
AGTAATAGTATGTTACTAATAGGGTGTATATAAGGACAACATACACAACACACACAGGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt7261_Genome_Tile_rc|1
GGAACAATAGTTTATAAAATAGTAATAGTATGTTACTAATAGGGTGTATATAAGGACAAC
>HPV31_Alpha_333048_nt7281_Genome_Tile_rc|1
GGAACAAGTAGGAACAAGTAGGAACAATAGTTTATAAAATAGTAATAGTATGTTACTAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt7301_Genome_Tile_rc|1
CATGACTATTGGGAGGAGCAGGAACAAGTAGGAACAAGTAGGAACAATAGTTTATAAAAT
>HPV31_Alpha_333048_nt7321_Genome_Tile_rc|1
ATTATAGGCAGAAATAAGTACATGACTATTGGGAGGAGCAGGAACAAGTAGGAACAAGTA
>HPV31_Alpha_333048_nt7341_Genome_Tile_rc|1
TACTATGGCGTGACACCTAAATTATAGGCAGAAATAAGTACATGACTATTGGGAGGAGCA
>HPV31_Alpha_333048_nt7381_Genome_Tile_rc|1
GTAGCTTTAGTTGCAAAAAACGGACCGGGTGTACAACCTTTTACTATGGCGTGACACCTAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7421_Genome_Tile_rc|1
CGGTTAGGGATTTAAATGGCTGCATAAAATCAAATGGAGTAGCTTTAGTTGCAAAAAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7501_Genome_Tile_rc|1
TAGTATTCAGGAAACCAAAAACCGCAGAACTACTGCATCAGCATAGTTGTACTAGCATGT
>HPV31_Alpha_333048_nt7561_Genome_Tile_rc|1
GATTATATGTTGGCAAGGTGTGTTAGGCAGGAACTACAAGCCAGAATGTTGGCAAAAAAC

>HPV31_Alpha_333048_nt7621_Genome_Tile_rc|1
GTTGAAC TACAGTTGTATTTAAACAAACATGATTCATAGTATAATTGCAAAGTTGGACTG
>HPV31_Alpha_333048_nt7641_Genome_Tile_rc|1
ATATATGTGCATGACACATAGTTGAACTACAGTTGTATTTAAACAAACATGATTCATAGT
>HPV31_Alpha_333048_nt7661_Genome_Tile_rc|1
AAGGTGTGTAGGATAATATAATATATGTGCATGACACATAGTTGAACTACAGTTGTATTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7761_Genome_Tile_rc|1
ATAATGCATGACACAACCTTGGCAGTTTAAACATGTGCAAAGCCAGCACTGCAATCAAG
>HPV31_Alpha_333048_nt7781_Genome_Tile_rc|1
GAGTAACATACAACCTTATTTATAATGCATGACACAACCTTGGCAGTTTAAACATGTGCAA
>HPV31_Alpha_333048_nt7801_Genome_Tile_rc|1
CTATATGCAATTAATTATATGAGTAACATACAACCTTATTTATAATGCATGACACAACCTT
>HPV31_Alpha_333048_nt7821_Genome_Tile_rc|1
AACCGAAAACGGTGTAACTATATGCAATTAATTATATGAGTAACATACAACCTTATTT
>HPV11_Alpha_333026_nt0221_Genome_Tile_rc|1
GGAAAGTTGTCTCGCCACACAACCTTTAGGTTCTTATAGGCATATGCATATATCTCTGCG
>HPV11_Alpha_333026_nt0361_Genome_Tile_rc|1
ACAGGTAACAACGAATTAACACTTTTAAATATCTTCATTGGTTTCTTCTCTACTGTAG
>HPV11_Alpha_333026_nt0421_Genome_Tile_rc|1
TGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTTTTCTATTTACACAACGGCTTGTGAC
>HPV11_Alpha_333026_nt0441_Genome_Tile_rc|1
CCACTGGTTATTTAGTTTTATGAAGCGTGCCTTTCCCAATATGTGCTTTAGTTTTTCTAT
>HPV11_Alpha_333026_nt1401_Genome_Tile_rc|1
CCATGTAATGTAGATCGTATATCCTTACATTTTAGTAATTCTAATATTCCTGATGTGTCT
>HPV11_Alpha_333026_nt2081_Genome_Tile_rc|1
CACTGTCAACTTTAGTACCCCTATACTTAATCCATTGTTAATAGACATCTTTTTTCATTT
>HPV11_Alpha_333026_nt2121_Genome_Tile_rc|1
TGATGTCTTAGAACTGCACAATTGGCTTCCAGTTACCTACACTGTCAACTTTAGTACCC
>HPV11_Alpha_333026_nt2501_Genome_Tile_rc|1
ATTTCTCCTCTTTGCTAATGTCTATATTTGATGTAACCAGTAGCGGTGGACACTTAATTA
>HPV11_Alpha_333026_nt2961_Genome_Tile_rc|1
CATAACTGGTGTCTGTAAATGTCCAAGGTTCCACACCATACTGAGTTTTTGCTAAGGATT
>HPV11_Alpha_333026_nt3121_Genome_Tile_rc|1
TCTACGGAAGTAGTTACTTTTACCCATGAGTCGTTGTCCTGCAGGTATATATGTGTCCAT
>HPV11_Alpha_333026_nt3141_Genome_Tile_rc|1
TATAATATATGCCCTTGGCATCTACGGAAGTAGTTACTTTTACCCATGAGTCGTTGTCTCT
>HPV11_Alpha_333026_nt3921_Genome_Tile_rc|1
ATTAATATTATAAGTACAATACTAAGAATACATACTGCAAATGCAATAACAACAGGCAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt3941_Genome_Tile_rc|1
TATATACTACAAAATCAGATATTAATATTATAAGTACAATACTAAGAATACATACTGCAA
>HPV11_Alpha_333026_nt3961_Genome_Tile_rc|1
TGTTAGTACCAGCACAGATGTATATACTACAAAATCAGATATTAATATTATAAGTACAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt4101_Genome_Tile_rc|1
GGTTAACATCACCATTATTGTTGCGTTTGCACAATGTATATGTGTATATAAAAGGCAGGA
>HPV11_Alpha_333026_nt4121_Genome_Tile_rc|1
TCACCATCATTTAAGTGACAGGTAAACATCACCATTATTGTTGCGTTTGCACAATGTATA
>HPV11_Alpha_333026_nt4221_Genome_Tile_rc|1
TTTAGTTTTTTCAGTACCATGTACAGCCCTGTAATGTAGTAACAACCAAGTACAGC
>HPV11_Alpha_333026_nt4241_Genome_Tile_rc|1
TTTGATTTTACACTTAGCACATTTAGTTTTTTCAGTACCATGTACAGCCCTGTAATGTAGT
>HPV11_Alpha_333026_nt4261_Genome_Tile_rc|1
AATCCACAGTAGTATTGCGGTTTGATTTACACTTAGCACATTTAGTTTTTTCAGTACCAT
>HPV11_Alpha_333026_nt4281_Genome_Tile_rc|1
ACCATGTGACATATACATAATCCACAGTAGTATTGCGGTTTGATTTACACTTAGCACACA
>HPV11_Alpha_333026_nt4301_Genome_Tile_rc|1

TACACATAATCTCCATTATCACCATGTGACATATACACATAATCCACAGTAGTATTGCGG
>HPV11_Alpha_333026_nt4321_Genome_Tile_rc|1
AAGGTTTACTCTAGTTCATGTACACATAATCTCCATTATCACCATGTGACATATACACAT
>HPV11_Alpha_333026_nt4361_Genome_Tile_rc|1
TCATTATATATAACTAACGTACACCACACACTGTATAAAAAAGGTTTACTCTAGTTCATG
>HPV11_Alpha_333026_nt4601_Genome_Tile_rc|1
TAATAGCAGGCTTGGGAGAGCTTCCCAAGGTATATACCCTGCACGACCGCCACTACCAG
>HPV11_Alpha_333026_nt4641_Genome_Tile_rc|1
GGCTCCACAAGCACTGGCGGACGTGCTGCTGGCCCCCAGTAATAGCAGGCTTGGGAGAG
>HPV11_Alpha_333026_nt4761_Genome_Tile_rc|1
GATTTCAGATGATGTTATAGTAAAGCCACCCTGTGTAGGGGGTACCACCTCAGGTGCACCA
>HPV11_Alpha_333026_nt4781_Genome_Tile_rc|1
CTAAAATAGCAGGTGTAGTCGATTCAGATGATGTTATAGTAAAGCCACCCTGTGTAGGGG
>HPV11_Alpha_333026_nt4841_Genome_Tile_rc|1
GTTCTGTAAACAGGGGATTTTGAAACACACTAGTGGTAGTGTGATTGGTAACAGACACAT
>HPV11_Alpha_333026_nt5141_Genome_Tile_rc|1
ATTGTAAACTTACATCTTCTCCTTCATAGACAGGGTTGTCATAAGTTACCAATCGCTGTG
>HPV11_Alpha_333026_nt5161_Genome_Tile_rc|1
GTGGATAGACTCATGGGTAAATTGTAAACTTACATCTTCTCCTTCATAGACAGGGTTGTC
>HPV11_Alpha_333026_nt5181_Genome_Tile_rc|1
AATGCTTCATCAGGTGCATTGTGGATAGACTCATGGGTAAATTGTAAACTTACATCTTCT
>HPV11_Alpha_333026_nt5201_Genome_Tile_rc|1
GTAGTCTAATAATATCCATAAATGCTTCATCAGGTGCATTGTGGATAGACTCATGGGTAA
>HPV11_Alpha_333026_nt5441_Genome_Tile_rc|1
AATGTTGGACAGGGTCAGGGATAGGGTCAAATGGTTCAGCATAAATATCAAACGTGTCAT
>HPV11_Alpha_333026_nt5461_Genome_Tile_rc|1
AAGATAAGACTGTGTAACAGAATGTTGGACAGGGTCAGGGATAGGGTCAAATGGTTCAGC
>HPV11_Alpha_333026_nt5501_Genome_Tile_rc|1
TATTACCCACGATTGTGAAAGGGTATTAGGTGTGGAGGTAAGATAAGACTGTGTAACAG
>HPV11_Alpha_333026_nt7221_Genome_Tile_rc|1
TATATTACTTTTTGGTTTTGGTACGTTTTCGTTTTGGGGGCTGTAGAGGGCTTAGACACAG
>HPV11_Alpha_333026_nt7301_Genome_Tile_rc|1
AAACATATACACATATACACAATACAAGAAACATATACACACTACAACAACATATAAATA
>HPV11_Alpha_333026_nt7401_Genome_Tile_rc|1
TATTGCACAAAAACATACATACACATTCCACAAATATATACACACACTAAACACACAAAC
>HPV11_Alpha_333026_nt7441_Genome_Tile_rc|1
CTTAGTCACTGGGTGTAACAGGACACACATAATAATTGTTTATTGCACAAAAACATACAT
>HPV11_Alpha_333026_nt7521_Genome_Tile_rc|1
GGGGGTAAACATAGTATAGGTATATTACAAATATATATAATATAATATGAAGGCAACACAA
>HPV11_Alpha_333026_nt7641_Genome_Tile_rc|1
AAGATACTTGGCAGGGCAATATGTACCTTGGCACACAACATATGGGATTAGTACAAAACA
>HPV11_Alpha_333026_nt7681_Genome_Tile_rc|1
AGTCATGCAATACCGCGCCCTGGCCAGGTGTGTTGTTGGCAAGATACTTGGCAGGGCAAT
>HPV11_Alpha_333026_nt7701_Genome_Tile_rc|1
CGACAGGTTTATTGTACATTAGTCATGCAATACCGCGCCCTGGCCAGGTGTGTTGTTGGC
>HPV11_Alpha_333026_nt7741_Genome_Tile_rc|1
GCTTTTAACCTTTGGCTGCAATCCACAACATTGTACAAACCGACAGGTTTATTGTACATT
>HPV11_Alpha_333026_nt7761_Genome_Tile_rc|1
TTCAGCTAGAAGCCAAAAATGCTTTTAACCTTTGGCTGCAATCCACAACATTGTACAAAC